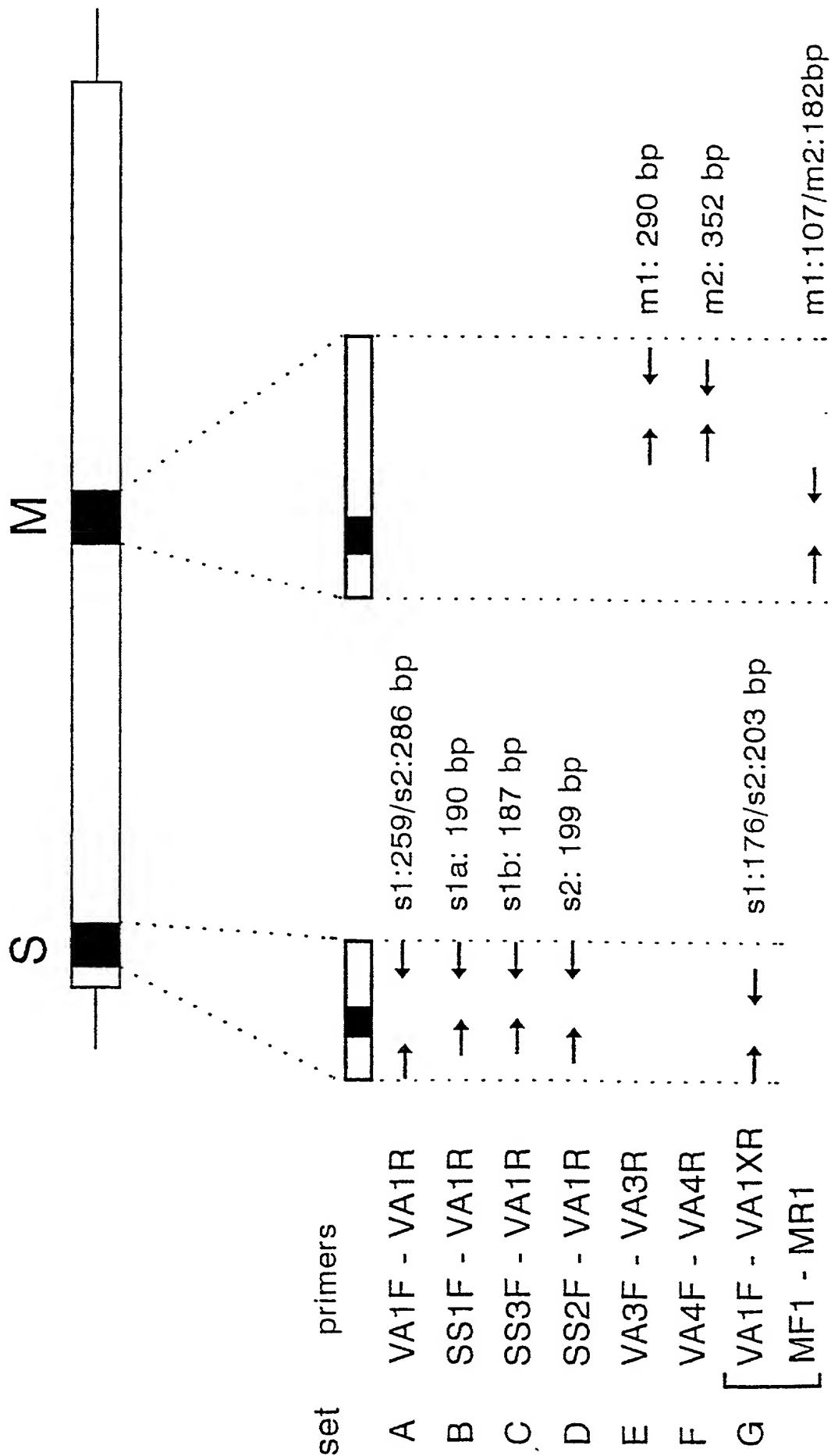


Figure 1



1
 C7145_S1 ATGGGAATACACAAACACACCGCAAAATCAATCGCCCTCTGGTTTCTCT
 F30_VALF -----
 F32_VALF VA1 - F -----N-----
 F74_VALF G-----Y-----
 C4062_VALF -----T-A-----
 C4330_VALF -----
 C4705_VALF -----
 C5625_VALF G-----T-A-----
 C4619_VALF -----A-----
 43504_VALF -----
 F67_VALF -----T-A-----
 F68_VALF -----T-A-----C
 F73_VALF --TGA-----
 F76_VALF -----T-A-----
 F42_VALF -----T-A-----
 F12_VALF CTA-----T-A-----
 F25_S1 -----T-A-----
 F31_VALF -----T-A-----
 F43_VALF -----T-----
 F63_VALF -----T-A-----
 F69_VALF -----T-A-----
 F70_VALF -----
 F46_VALF -----
 F66_VALF G-----T-A-----
 F6_VALF -----T-----
 C4596_VALF -----A-TA-----
 C4601_VALF -----T-A-----
 C4602_VALF -----T-A-----

51 P₂₂S₁A P₁S₁ SS₁F
 C7145_S1 CGCTTTAGTAGGAGCATTAGTCAGCATCACCGCAACAAAGTCATGCCG
 F30_VALF -----G-----
 F32_VALF -----N-----N-----N-----
 F74_VALF T-----GR-T--YRY--Y-----
 C4062_VALF T-----G-GTT-G-----A-A-----
 C4330_VALF -----G-----
 C4705_VALF -----G-----
 C5625_VALF T-----G-----
 C4619_VALF -----G-----
 43504_VALF T-----G-----
 F67_VALF T-T-----C-----G-GA-T--GC--T-----
 F68_VALF T-T-----C-----G-GA-T--TC--T-----
 F73_VALF T-T-----C-----G-GA-T--GC--T-----
 F76_VALF T-----C-----G-GA-T--TC--T-----
 F42_VALF T-T-----C-----G-GA-T--GC--T-----
 F12_VALF T-----C-----G-GA-T--GC--T-----
 F25_S1 T-----C-----G-GA-T--GC--T-----G-G--
 F31_VALF T-----C-NV--G-GA-T--RC--T-----G-G--
 F43_VALF T-----C-----G-GA-T--TC--T-----G-G--
 F63_VALF T-----C-----G-GA-T--TC--T-----G-G--
 F69_VALF T-----C-N--G-NA-T--TGC--T-----N-N-----
 F70_VALF C-----G-GA-T--TGC--T-----G-G-----
 F46_VALF T-----C-----G-GA-T--TC--T-----G-G-----
 F66_VALF T-----C-----G-GA-T--TGC--T-----G-G-----
 F6_VALF T-----C-----G-GA-T--TC--T-----G-G-----
 C4596_VALF T-----C-----G-GA-T--TC--T-----G-----
 C4601_VALF T-T-----C-----G-GA-T--TGC--T-----G-G-CT-----
 C4602_VALF T-----C-----G-TA-T--GC--T-----G-G-----

SS₃FP₂₂S₁bP₁S₁b

Fig 2a - 1

101
07145_S1 CCTTTTTCACAACCGTGATCATTCAGCCATTGTTGGGGGTATCGCTACA
F30_VA1F -----
F32_VA1F -----N-----N-----
F74_VA1F -----Y--R-----R-----
C4062_VA1F -----A-----
C4330_VA1F -----A-----
C4705_VA1F -----T-----A-----
C5825_VA1F -----
C4819_VA1F -----G-----
43504_VA1F -----G-----
F67_VA1F -----G-----
F68_VA1F -----
F73_VA1F -----G-----
F76_VA1F -----
F42_VA1F -----G--N-----NNNN-----
F12_VA1F -----C-----T-----
F25_S1 -----N-----
F31_VA1F -----T-----N-----
F43_VA1F -----
F63_VA1F -----
F69_VA1F -----N--N-----C-----
F70_VA1F -----G-----C-----
F46_VA1F -----
F88_VA1F -----G-----C-----
F8_VA1F -----M-----G-----
C4598_VA1F -----G-----C-----
C4601_VA1F -----
C4602_VA1F -----G-----C-----

151
07145_S1 GGCACCGCTGTAGGAACGGTCTCAGGGCTTCTTAGCTGGGGGCTCAAACA
F30_VA1F -----T--A--A-----
F32_VA1F -----T--A--A-----
F74_VA1F -----T-----R-----
C4062_VA1F --TG-T-----G-T-----
C4330_VA1F --G-T-----
C4705_VA1F --G-T-----
C5825_VA1F --G-T-----T-----G-----A-----
C4819_VA1F --G-T-----
43504_VA1F --G-T-----
F67_VA1F -----T-----
F68_VA1F -----T-----
F73_VA1F -----T-----
F76_VA1F -----T-----
F42_VA1F -----
F12_VA1F --G-T-----T-----A-----
F25_S1 -----N--Y--T--A--NW-----
F21_VA1F --YG-T-----
F43_VA1F --G-T-----
F63_VA1F -----A-----
F69_VA1F -----T-----A--N-----
F70_VA1F -----T-----A-----
F46_VA1F --G-T-----
F88_VA1F -----T-----A-----
F8_VA1F --G-T-----N--Y-----NW-----
C4598_VA1F --G-T-----
C4601_VA1F -----T-----A-----
C4602_VA1F -----T-----A-----

VA1-R

201
 07145_S1 AGCCGAAGAAGCCCAATAAAACCCAGATAAACCCGATAAAGTTTGGCGCA
 F30_VA1F -----
 F32_VA1F -----
 F74_VA1F -----S-----R-----
 C4082_VA1F -----
 C4330_VA1F -----
 C4705_VA1F -----C-----G---G---C-----
 C5825_VA1F -----
 C4819_VA1F -----G---C-----
 C3504_VA1F -----
 F67_VA1F -----
 F68_VA1F ---Y---S---S-----G--
 F73_VA1F -----
 F76_VA1F -----C-----G---G---C--
 F42_VA1F -----
 F12_VA1F -----G--
 F25_S1 -----G-----
 F31_VA1F -----C-----G--
 F43_VA1F -----G-----
 F63_VA1F -----G-----
 F69_VA1F -----G-----
 F70_VA1F -----G-----TAT--A--CGAT--AG--T-GCGC
 F46_VA1F -----G-----
 F88_VA1F -----G-----TAT--A--C
 F8_VA1F -----G-----
 C4598_VA1F -----C-----G---G---C--
 C4601_VA1F -----G-----
 C4602_VA1F -----G-----

251
 TCAAGCAG Seq ID N°
 07145_S1 ----- 40
 F30_VA1F ----- 41
 F32_VA1F ----- 42
 F74_VA1F ----- 43
 C4082_VA1F ----- 44
 C4330_VA1F ----- 45
 C4705_VA1F ----- 46
 C5825_VA1F ----- 47
 C4819_VA1F ----- 48
 C3504_VA1F ----- 49
 F67_VA1F ----- 50
 F68_VA1F ----- 51
 F73_VA1F ----- 52
 F76_VA1F ----- 53
 F42_VA1F ----- 54
 F12_VA1F ----- 55
 F25_S1 ----- 56
 F31_VA1F ----- 57
 F43_VA1F ----- 58
 F63_VA1F ----- 59
 F69_VA1F ----- 60
 F70_VA1F A-TC-AG ----- 61
 F46_VA1F ----- 62
 F88_VA1F ----- 63
 F8_VA1F ----- 64
 C4598_VA1F ----- 65
 C4601_VA1F ----- 66
 C4602_VA1F ----- 66

Fig 2a-3

1
 29401_S2 ATGGAAATACAACAAACACACCGCAAAATCAATCGCCCTATTATTCTCT
 F24_VA1F
 F28_VA1F VA1-F
 F90_VA1F
 C3964_VA1F -----C-----
 C4599_VA1F -----C-----
 C4600_VA1F -----C-----
 C6125_VA1F -----C-----

51
 29401_S2 CGCTTTAGTGGGGGTGTTAATGGGCACCGAACTGGGGCTAACACGCCAA
 F24_VA1F -----A-----T-----
 F28_VA1F -----T-----A-----
 F90_VA1F -----CA-----A-T-----A-----
 C3964_VA1F -----C-----T-----A-----
 C4599_VA1F -----C-----T-----A-----
 C4600_VA1F -----R-----A-----
 C6125_VA1F -----A-----A-----A-----

VAS2

101
 29401_S2 ATGATCCATACACAGCGAGAGTCGCGCTTTTCACAACCGTGATCAT
 F24_VA1F -----C-----C-----T-----
 F28_VA1F -----C-----C-----T-----
 F90_VA1F -----C-----C-----T-----
 C3964_VA1F -----C-----C-----T-----
 C4599_VA1F -----C-----C-----
 C4600_VA1F -----C-----C-----
 C6125_VA1F -----C-----T-----T-----

S general

151
 29401_S2 CCAGCCATTGTTGGGGGTATCGCTACAGCGCTGCTGTAGGAACGGTTTC
 F24_VA1F -----C-----A-----C-----
 F28_VA1F -----C-----C-----
 F90_VA1F -----C-----
 C3964_VA1F -----C-----
 C4599_VA1F -----A-----T-----C-----
 C4600_VA1F -----C-----
 C6125_VA1F -----C-----

VA1-R

201
 29401_S2 AGGCGCTTCTTAGCTGGGGGCTCAAAACAGTCGAACAAGCCAATAAGCCC
 F24_VA1F -----T-----A-----G-----G-----A-----
 F28_VA1F -----C-----
 F90_VA1F -----TC-----
 C3964_VA1F -----
 C4599_VA1F -----
 C4600_VA1F -----
 C6125_VA1F -----

251
 29401_S2 CGGACAAACCCGATAAAGTTTGGCGCATTCAAGCAG
 F24_VA1F -A-----
 F28_VA1F --
 F90_VA1F -
 C3964_VA1F -----
 C4599_VA1F -----
 C4600_VA1F -----T-----
 C6125_VA1F -----T-----

Seq ID N°

67
 68
 69
 70
 71
 72
 73

Fig 2b-1

	M1F	P ₁ M ₁
05676_M	TTTAAAGGTGGATGCTCATAACAGCTAAATTTTAAAGGTATTGATACGGGTA	
07145_M	-----	-----
F12_M	-----	-----
F30_M	-----	-----
43504_M	-----A-----	-----
F43_M	-----	-----
F67_M	-----A-----	-----
C5654_M	-----A-----	-----T-----
C4602_M	-----	-----
F32_M	-----A-----	-----
C4601_M	-----	-----
	M general	M1R
05676_M	ATGGTGGTTTCAACACCTTAGATTTTAGTGGTGTTACAAACAAGGTCAAT	
07145_M	-----C-----G-----A-----	
F12_M	-----	GGT-----
F30_M	-----	GGT-----
43504_M	-----G-----C-----G-----A-----	
F43_M	-----	GGT-----
F67_M	-----	GGT-----
C5654_M	-----	-----A-----
C4602_M	-----	GGT-----
F32_M	-----	GGT-----
C4601_M	-----	GGT-----
	101	
05676_M	ATCAACAAGCTCATTACGGCTTCCACTAATGTGGCCGTTAAAACTTCAA	
07145_M	-----C-----A-----	
F12_M	-----	
F30_M	-----C-----A-----A-----	
43504_M	-----C-----A-----C-----	
F43_M	-----C-----A-----C-----	
F67_M	-----A-----	
C5654_M	-----C-----	AA-----
C4602_M	-----C-----A-----	
F32_M	-----C-----A-----	
C4601_M	-----C-----A-----	
	151	
05676_M	CATTAATGAATTGATTGTTAAAACCAATGGGGTGAGCGTGGGGGAATACA	
07145_M	-----A-----A-----T-----T-----	
F12_M	-----T-----T-----	
F30_M	-----T-----G-----G-----T-----	
43504_M	-----T-----G-----G-----T-----	
F43_M	-----T-----	
F67_M	-----T-----	
C5654_M	-----T-----G-----G-----TT-----T-----	
C4602_M	-----G-----G-----A-----A-----T-----	

Fig 3a-1

F32_M -----T-G-----G-----T-----
 C4601_M -----A-A--T-----

201

05676_M CTCATTTTAGCGAAGATATAGGCAGTCAATCGCGCATCAATACCGTGCCT
 07145_M -----
 F12_M -----
 F30_M -----
 43504_M -----C-----
 F43_M -----
 F67_M -----
 C5654_M --T-----C-----
 C4602_M -----
 F32_M -----C-----
 C4601_M -----A-----

251

05676_M TTGGAAACTGGCACTAGGTCAATCTTTCTGGGGGTGTCAAATTTAAAAG
 07145_M -----C-T--C-----T-----G-
 F12_M -----T-----G-
 F30_M -----G-
 43504_M --A-----
 F43_M -----A-----C-----T-----G-
 F67_M -----A-----C-----T-----G-
 C5654_M -----A-----C-----T-----G-
 C4602_M -----A-----
 F32_M -----
 C4601_M -----A-----T-----G-

Seq ID No

44
 5
 6
 7
 8
 9
 10
 11
 12
 13
 14
 15
 16
 17
 18
 19
 20
 21
 22
 23
 24
 25
 26
 27
 28
 29
 30
 31
 32
 33
 34
 35
 36
 37
 38
 39
 40
 41
 42
 43
 44
 45
 46
 47
 48
 49
 50
 51
 52
 53
 54
 55
 56
 57
 58
 59
 60
 61
 62
 63
 64
 65
 66
 67
 68
 69
 70
 71
 72
 73
 74
 75
 76
 77
 78
 79
 80
 81
 82
 83
 84
 85
 86
 87
 88
 89
 90
 91
 92
 93
 94
 95
 96
 97
 98
 99
 100
 101
 102
 103
 104
 105
 106
 107
 108
 109
 110
 111
 112
 113
 114
 115
 116
 117
 118
 119
 120
 121
 122
 123
 124
 125
 126
 127
 128
 129
 130
 131
 132
 133
 134
 135
 136
 137
 138
 139
 140
 141
 142
 143
 144
 145
 146
 147
 148
 149
 150
 151
 152
 153
 154
 155
 156
 157
 158
 159
 160
 161
 162
 163
 164
 165
 166
 167
 168
 169
 170
 171
 172
 173
 174
 175
 176
 177
 178
 179
 180
 181
 182
 183
 184
 185
 186
 187
 188
 189
 190
 191
 192
 193
 194
 195
 196
 197
 198
 199
 200
 201
 202
 203
 204
 205
 206
 207
 208
 209
 210
 211
 212
 213
 214
 215
 216
 217
 218
 219
 220
 221
 222
 223
 224
 225
 226
 227
 228
 229
 230
 231
 232
 233
 234
 235
 236
 237
 238
 239
 240
 241
 242
 243
 244
 245
 246
 247
 248
 249
 250
 251
 252
 253
 254
 255
 256
 257
 258
 259
 260
 261
 262
 263
 264
 265
 266
 267
 268
 269
 270
 271
 272
 273
 274
 275
 276
 277
 278
 279
 280
 281
 282
 283
 284
 285
 286
 287
 288
 289
 290
 291
 292
 293
 294
 295
 296
 297
 298
 299
 300
 301
 302
 303
 304
 305
 306
 307
 308
 309
 310
 311
 312
 313
 314
 315
 316
 317
 318
 319
 320
 321
 322
 323
 324
 325
 326
 327
 328
 329
 330
 331
 332
 333
 334
 335
 336
 337
 338
 339
 340
 341
 342
 343
 344
 345
 346
 347
 348
 349
 350
 351
 352
 353
 354
 355
 356
 357
 358
 359
 360
 361
 362
 363
 364
 365
 366
 367
 368
 369
 370
 371
 372
 373
 374
 375
 376
 377
 378
 379
 380
 381
 382
 383
 384
 385
 386
 387
 388
 389
 390
 391
 392
 393
 394
 395
 396
 397
 398
 399
 400
 401
 402
 403
 404
 405
 406
 407
 408
 409
 410
 411
 412
 413
 414
 415
 416
 417
 418
 419
 420
 421
 422
 423
 424
 425
 426
 427
 428
 429
 430
 431
 432
 433
 434
 435
 436
 437
 438
 439
 440
 441
 442
 443
 444
 445
 446
 447
 448
 449
 450
 451
 452
 453
 454
 455
 456
 457
 458
 459
 460
 461
 462
 463
 464
 465
 466
 467
 468
 469
 470
 471
 472
 473
 474
 475
 476
 477
 478
 479
 480
 481
 482
 483
 484
 485
 486
 487
 488
 489
 490
 491
 492
 493
 494
 495
 496
 497
 498
 499
 500
 501
 502
 503
 504
 505
 506
 507
 508
 509
 510
 511
 512
 513
 514
 515
 516
 517
 518
 519
 520
 521
 522
 523
 524
 525
 526
 527
 528
 529
 530
 531
 532
 533
 534
 535
 536
 537
 538
 539
 540
 541
 542
 543
 544
 545
 546
 547
 548
 549
 550
 551
 552
 553
 554
 555
 556
 557
 558
 559
 560
 561
 562
 563
 564
 565
 566
 567
 568
 569
 570
 571
 572
 573
 574
 575
 576
 577
 578
 579
 580
 581
 582
 583
 584
 585
 586
 587
 588
 589
 590
 591
 592
 593
 594
 595
 596
 597
 598
 599
 600
 601
 602
 603
 604
 605
 606
 607
 608
 609
 610
 611
 612
 613
 614
 615
 616
 617
 618
 619
 620
 621
 622
 623
 624
 625
 626
 627
 628
 629
 630
 631
 632
 633
 634
 635
 636
 637
 638
 639
 640
 641
 642
 643
 644
 645
 646
 647
 648
 649
 650
 651
 652
 653
 654
 655
 656
 657
 658
 659
 660
 661
 662
 663
 664
 665
 666
 667
 668
 669
 670
 671
 672
 673
 674
 675
 676
 677
 678
 679
 680
 681
 682
 683
 684
 685
 686
 687
 688
 689
 690
 691
 692
 693
 694
 695
 696
 697
 698
 699
 700
 701
 702
 703
 704
 705
 706
 707
 708
 709
 710
 711
 712
 713
 714
 715
 716
 717
 718
 719
 720
 721
 722
 723
 724
 725
 726
 727
 728
 729
 730
 731
 732
 733
 734
 735
 736
 737
 738
 739
 740
 741
 742
 743
 744
 745
 746
 747
 748
 749
 750
 751
 752
 753
 754
 755
 756
 757
 758
 759
 760
 761
 762
 763
 764
 765
 766
 767
 768
 769
 770
 771
 772
 773
 774
 775
 776
 777
 778
 779
 780
 781
 782
 783
 784
 785
 786
 787
 788
 789
 790
 791
 792
 793
 794
 795
 796
 797
 798
 799
 800
 801
 802
 803
 804
 805
 806
 807
 808
 809
 810
 811
 812
 813
 814
 815
 816
 817
 818
 819
 820
 821
 822
 823
 824
 825
 826
 827
 828
 829
 830
 831
 832
 833
 834
 835
 836
 837
 838
 839
 840
 841
 842
 843
 844
 845
 846
 847
 848
 849
 850
 851
 852
 853
 854
 855
 856
 857
 858
 859
 860
 861
 862
 863
 864
 865
 866
 867
 868
 869
 870
 871
 872
 873
 874
 875
 876
 877
 878
 879
 880
 881
 882
 883
 884
 885
 886
 887
 888
 889
 890
 891
 892
 893
 894
 895
 896
 897
 898
 899
 900
 901
 902
 903
 904
 905
 906
 907
 908
 909
 910
 911
 912
 913
 914
 915
 916
 917
 918
 919
 920
 921
 922
 923
 924
 925
 926
 927
 928
 929
 930
 931
 932
 933
 934
 935
 936
 937
 938
 939
 940
 941
 942
 943
 944
 945
 946
 947
 948
 949
 950
 951
 952
 953
 954
 955
 956
 957
 958
 959
 960
 961
 962
 963
 964
 965
 966
 967
 968
 969
 970
 971
 972
 973
 974
 975
 976
 977
 978
 979
 980
 981
 982
 983
 984
 985
 986
 987
 988
 989
 990
 991
 992
 993
 994
 995
 996
 997
 998
 999
 1000
 1001
 1002
 1003
 1004
 1005
 1006
 1007
 1008
 1009
 1010
 1011
 1012
 1013
 1014
 1015
 1016
 1017
 1018
 1019
 1020
 1021
 1022
 1023
 1024
 1025
 1026
 1027
 1028
 1029
 1030
 1031
 1032
 1033
 1034
 1035
 1036
 1037
 1038
 1039
 1040
 1041
 1042
 1043
 1044
 1045
 1046
 1047
 1048
 1049
 1050
 1051
 1052
 1053
 1054
 1055
 1056
 1057
 1058
 1059
 1060
 1061
 1062
 1063
 1064
 1065
 1066
 1067
 1068
 1069
 1070
 1071
 1072
 1073
 1074
 1075
 1076
 1077
 1078
 1079
 1080
 1081
 1082
 1083
 1084
 1085
 1086
 1087
 1088
 1089
 1090
 1091
 1092
 1093
 1094
 1095
 1096
 1097
 1098
 1099
 1100
 1101
 1102
 1103
 1104
 1105
 1106
 1107
 1108
 1109
 1110
 1111
 1112
 1113
 1114
 1115
 1116
 1117
 1118
 1119
 1120
 1121
 1122
 1123
 1124
 1125
 1126
 1127
 1128
 1129
 1130
 1131
 1132
 1133
 1134
 1135
 1136
 1137
 1138
 1139
 1140
 1141
 1142
 1143
 1144
 1145
 1146
 1147
 1148
 1149
 1150
 1151
 1152
 1153
 1154
 1155
 1156
 1157
 1158
 1159
 1160
 1161
 1162
 1163
 1164
 1165
 1166
 1167
 1168
 1169
 1170
 1171
 1172
 1173
 1174
 1175
 1176
 1177
 1178
 1179
 1180
 1181
 1182
 1183
 1184
 1185
 1186
 1187
 1188
 1189
 1190
 1191
 1192
 1193
 1194
 1195
 1196
 1197
 1198
 1199
 1200
 1201
 1202
 1203
 1204
 1205
 1206
 1207
 1208
 1209
 1210
 1211
 1212
 1213
 1214
 1215
 1216
 1217
 1218
 1219
 1220
 1221
 1222
 1223
 1224
 1225
 1226
 1227
 1228
 1229
 1230
 1231
 1232
 1233
 1234
 1235
 1236
 1237
 1238
 1239
 1240
 1241
 1242
 1243
 1244
 1245
 1246
 1247
 1248
 1249
 1250
 1251
 1252
 1253
 1254
 1255
 1256
 1257
 1258
 1259
 1260
 1261
 1262
 1263
 1264
 1265
 1266
 1267
 1268
 1269
 1270
 1271
 1272
 1273
 1274
 1275
 1276
 1277
 1278
 1279
 1280
 1281
 1282
 1283
 1284
 1285
 1286
 1287
 1288
 1289
 1290
 1291
 1292
 1293
 1294
 1295
 1296
 1297
 1298
 1299
 1300
 1301
 1302
 1303
 1304
 1305
 1306
 1307
 1308
 1309
 1310
 1311
 1312
 1313
 1314
 1315
 1316
 1317
 1318
 1319
 1320
 1321
 1322
 1323
 1324
 1325
 1326
 1327
 1328
 1329
 1330
 1331
 1332
 1333
 1334
 1335
 1336
 1337
 1338
 1339
 1340
 1341
 1342
 1343
 1344
 1345
 1346
 1347
 1348
 1349
 1350
 1351
 1352
 1353
 1354
 1355
 1356
 1357
 1358
 1359
 1360
 1361
 1362
 1363
 1364
 1365
 1366
 1367
 1368
 1369
 1370
 1371
 1372
 1373
 1374
 1375
 1376
 1377
 1378
 1379
 1380
 1381
 1382
 1383
 1384
 1385
 1386
 1387
 1388
 1389
 1390
 1391
 1392
 1393
 1394
 1395
 1396
 1397
 1398
 1399
 1400
 1401
 1402
 1403
 1404
 1405
 1406
 1407
 1408
 1409
 1410
 1411
 1412
 1413
 1414
 1415
 1416
 1417
 1418
 1419
 1420
 1421

Fig 3b-1

```
C4084_M      G--C-----A-----
C4598_M      T--C-----AT-----

201
29401_M      CTAATGTGAATATTAAAACTTTGACATTAAGGAATTGGTGGTTACAACC
05677_M      -----CG-C-----A-----
F31_M        -----CG-----G-----
F24_M        -----CG-----
F28_M        -----C-----A-----
F76_M        -----CG-----
F68_M        -----CG-----A-----
F90_M        -----CR-----Y-----
C5825_M      -----C-----
C4084_M      -----C-----A-----G-----
C4598_M      -----C-----

251
29401_M      CGTGTTCAGAGTTTTGGGCAATACACTATTTTGGCGAAAATATAGGCCGA
05677_M      -----A-----
F31_M        -----
F24_M        --A--A-----
F28_M        --A-----
F76_M        --C-----
F68_M        --A--A-----
F90_M        --A--A-----
C5825_M      --A--A-----
C4084_M      -----A-----
C4598_M      --A--A-----

301
29401_M      TAAGTCTCGCATTGGTGTCTGTGAGTTTGCAAACGGGATATAGCCCGGCCT
05677_M      -----T-----
F31_M        -----
F24_M        -----T-----
F28_M        ----CTG-A-----A-----
F76_M        -----T-----
F68_M        -----T-----
F90_M        -M-----T-----R-----
C5825_M      -----
C4084_M      -C-A-G-----T-----T-C-----
C4598_M      -----

351
29401_M      ATTCTGGGGGCGTTACTTTTAAAGG
05677_M      -----A-----
F31_M        -----A-----
F24_M        -----A-----
F28_M        -----GC-----A-----
F76_M        -----A-----
F68_M        -----A-----
F90_M        -----A-----
C5825_M      -----A-----
C4084_M      -----A-----
C4598_M      -----A-----
```

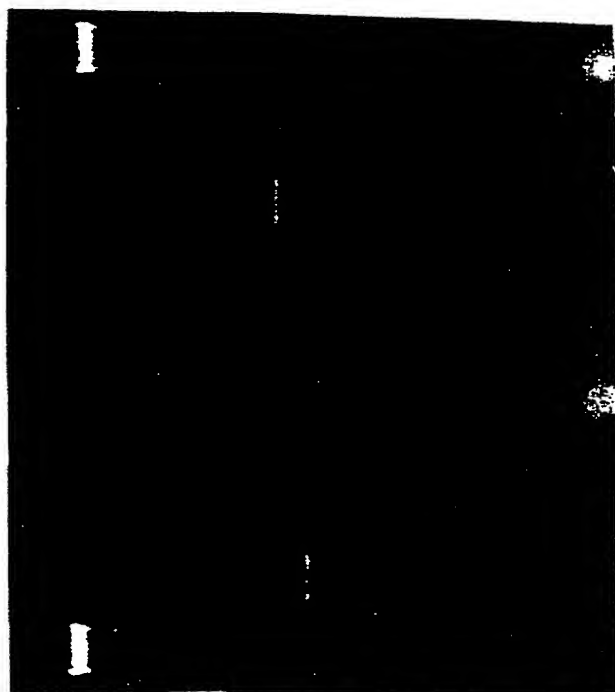
Seq ID N°

83
84
85
86
87
88
89
90
91

Fig 3b-2

Gastric biopsy 18

M A B C D E F G M



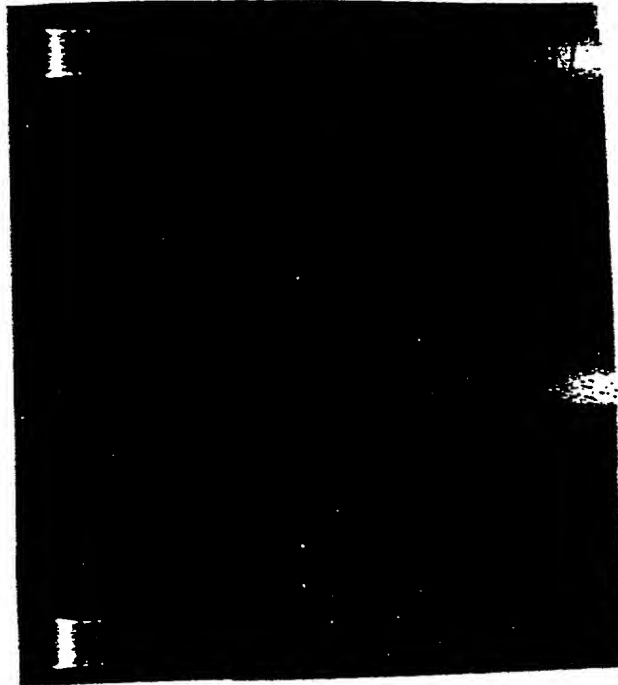
506/517
396
220
154
75

—
—
—
—
—

Fig. 4

Gastric biopsy 41

M A B C D E F G M

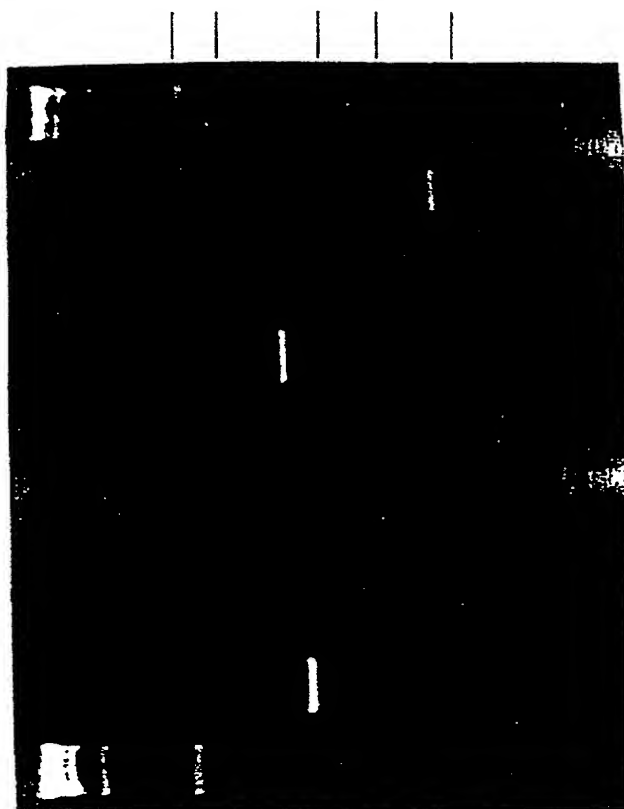


506/517
 —
 396
 —
 220
 —
 154
 —
 75
 —

Fig. 5

isolate F67

M A B C D E F G M



506/517

396

220

154

75

Fig. 6

isolate 25

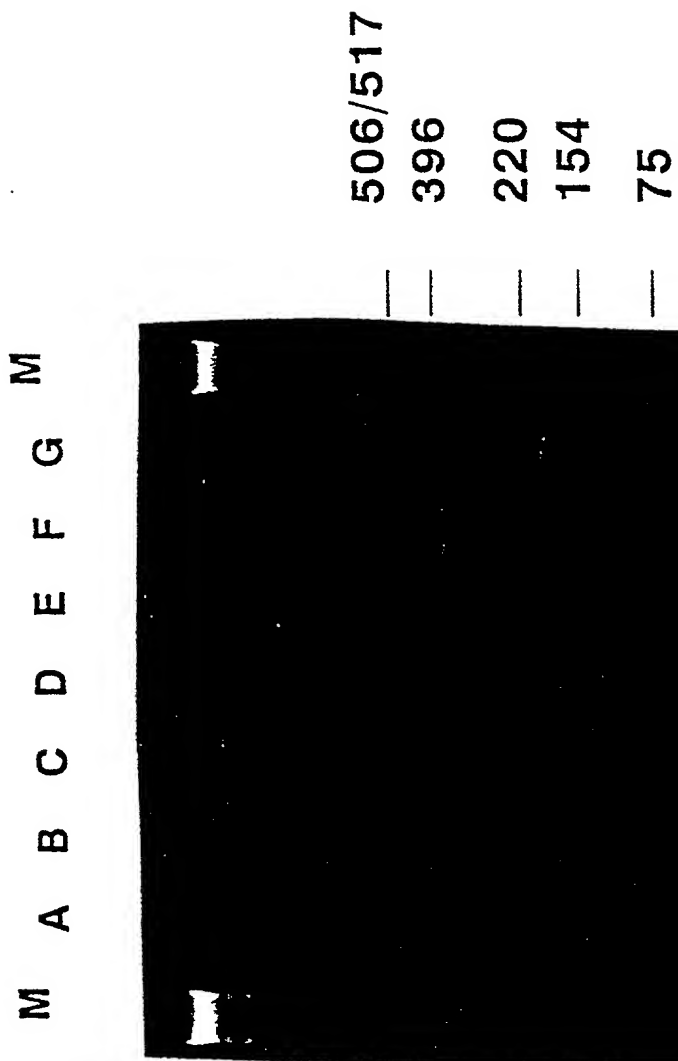
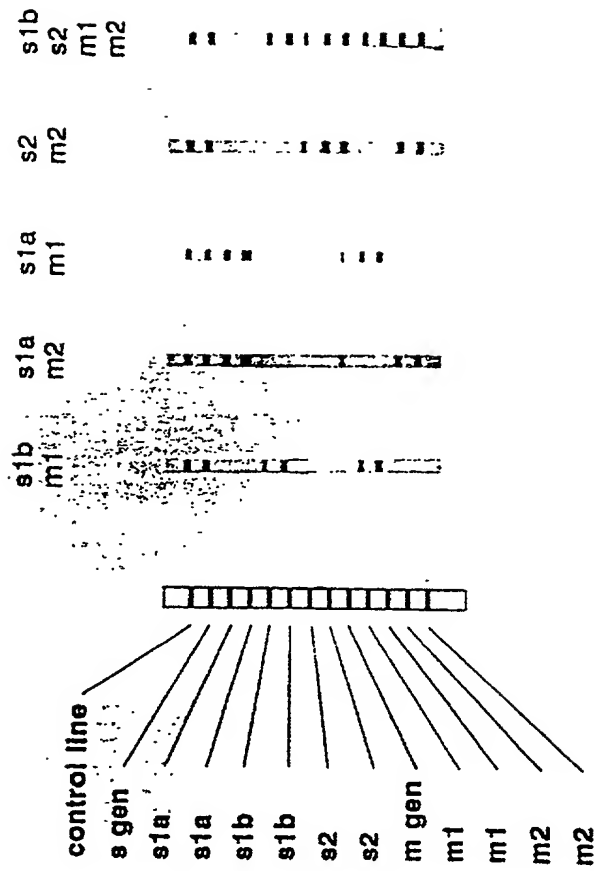


Fig. 7



Outline of *Helicobacter pylori* vacA LiPA

Fig. 8

multiplex PCR vacA s/m and cagA

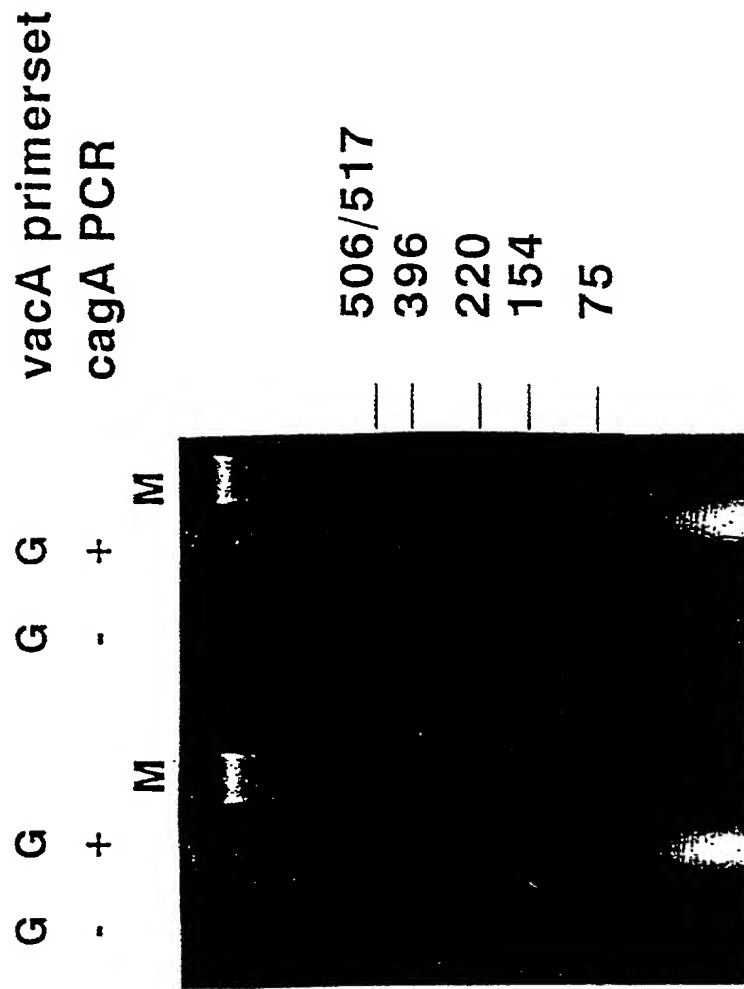


Fig. 9

16/61

Figure 10 Alignment of cagA nucleic acid sequences

START ORF	CagSF (seq id no 19; fwd)	
AMST7001C2	ATGACTAACGAAACCATTAAC---CAACAAC-----CACAAAG	35
AMS23001C2	ATGACTAACGAAACCATTAAC---CAACAAC-----CACAAAC	35
8832001C2	ATGGCTAACGAAACCATTAAC---CAACAAC-----CACAAAC	35
AUS10001C2	ATGACTAACGAAACCATTAAC---CAACAAC-----CACAAAC	35
HPCAICEU2	ATGACTAACGAAACCATTTGA---CAACAAC-----CACAAAC	35
AMS45001C2	ATGACTAACGAAACCATTAAC---CAACAAC-----CACAAAC	35
AM79001C2	ATGACTAACGAAACCATTAAC---CAACAAC-----CACAAAC	35
AUS5001C2	ATGACTAACGAAACCATTAAC---CAACAAC-----CACAAAC	35
AUS21RCAG2	ATGACTAACGAAACCATTAAC---CAACAAC-----CACAAAC	35
I16001C2	ATGACTAACGAAACCATTAAC---CAACAAC-----CACAAAC	35
AI9001C2	ATGACTAACGAAACCATTTGA---CAACAAC-----CACAAAC	35
I17001C2	ATGACTAACGAAACCATTAAC---CAACAAC-----CACAAAC	35
AM82001C2	ATGACTAACGAAACCATTAAC---CAACAAC-----CACAAAC	35
AUS1001C2	ATGACTAACGAAACCATTAAC---CAACAAC-----CACAAAC	35
HPMAJCEU2	ATGACTAACGAAACCATTTGA---CAACAAC-----CACAAAC	35
AM105001C2	ATGACTAACGAAACCATTTGA---CAACAAC-----CACGAAC	35
J123001C2	ATGACTAACGAAACCATTAAC---CAACAAC-----CACAAAC	35
J39001C2	ATGACTAACGAAACCATTTGATCAAAACGAAACACAGACCAACAAAG	50
HK7001C2	ATGACTAATGAAACCATTTGATCAAAACGAAACACAGATCAAAACCAAA	50
HK12001C2	ATGACTAACGAAACCATTTGATCAAAACGAAACACAGATCAAAACCAAA	50
HK8001C2	ATGACTAACGAAACCATTTGATCAAAACGAAACACAGATCAAAACCAAG	50
CH2001C2	ATGACTAACGAAACCATTTGATCAAAACGAAACACAGATCAAAACCAAA	50
CH4001C2	ATGACTAACGAAACCATTTGATCAAAACGAAACACAGATCAAAACCAAA	50
HK9001C2	ATGACTAACGAAACCATTTGATCAAAACGAAACACAGATCAAAACCAAA	50
8828001C2	ATGACTAACGAAACCATTTGATCAAAACGAAACACAGATCAAAACCAAA	50
.** *****.*** **		*** **

AMST7001C2	CGAAGCGGCTTTTAAACCGCAGCAATTTATCAATAATCTTCAAGTAGCTT	85
AMS23001C2	CGAAGCGGCTTTTAAACCGCAGCAATTTATCAATAATCTTCAAGTAGCTT	85
8832001C2	CGAAGCGGCTTTTAAACCGCAGCAATTTATCAATAATCTTCAAGTAGCTT	85
AUS10001C2	CGAAGCGGCTTTTAAACCGCAGCAATTTATCAATAATCTTCAAGTGGCTT	85
HPCAICEU2	CGAAGCGGCTTTTAAACCGCAGCAATTTATCAATAATCTTCAAGTAGCTT	85
AMS45001C2	CGAAGCGGCTTTTAAACCGCAGCAATTTATCAATAATCTTCAAGTGGCTT	85
AM79001C2	CGAAGCGGCTTTTAAACCGCAGCAATTTATCAATAATCTTCAAGTAGCTT	85
AUS5001C2	CGAAGCGGCTTTTAAACCGCAGCAATTTATCAATAATCTTCAAGTAGCTT	85
AUS21RCAG2	CGAAGCGGCTTTTAAACCGCAGCAATTTATCAATAATCTTCAAGTAGCTT	85
I16001C2	CGAAGCGGCTTTTAAACCGCAGCAATTTATCAATAATCTTCAAGTAGCTT	85
AI9001C2	TGAAGCGGCTTTTAAACCGCAGCAATTTATCAATAATCTTCAAGTGGCTT	85
I17001C2	CGAAGCGGCTTTTAAACCGCAGCAATTTATCAATAATCTTCAAGTAGCTT	85
AM82001C2	CGAAGCGGCTTTTAAACCGCAGCAATTTATCAATAATCTTCAAGTGGCTT	85
AUS1001C2	CGAAGCGGCTTTTAAACCGCAGCAATTTATCAATAATCTTCAAGTGGCTT	85
HPMAJCEU2	CGAAGCGGCTTTTAAACCGCAGCAATTTATCAATAATCTTCAAGTAGCTT	85
AM105001C2	CGAAGCGGCTTTTAAACCGCAGCAATTTATCAATAATCTTCAAGTAGCTT	85
J123001C2	CGAAGCGGCTTTTAAACCGCAGCAATTTATCAATAATCTTCAAGTGGCTT	85
J39001C2	CCAAACAGCTTTTGTATCCGCAACAAATTTATCAATAATCTTCAAGTGGCTT	100
HK7001C2	TCAAACAGATTTTGTTCGCAACGATTTATCAATAATCTTCAAGTAGCTT	100
HK12001C2	CCAAACGGATTTTGTTCGCAACGATTTATCAATAATCTTCAAGTAGCTT	100
HK8001C2	CCAAACAGATTTTGTTCGCAACGATTTATCAATAATCTTCAAGTAGCTT	100
CH2001C2	TCAAACAGATTTTGTTCGCAACGATTTATCAATAATCTTCAAGTAGCTT	100
CH4001C2	TCAAACAGATTTTGTTCGCAACGATTTATCAATAATCTTCAAGTAGCTT	100
HK9001C2	CCAAACGGATTTTGTTCGCAACGATTTATCAATAATCTTCAAGTAGCTT	100
8828001C2	CCAAACGGATTTTGTTCGCAACGATTTATCAATAATCTTCAAGTAGCTT	100
.*.* **...*****.*.***** ***** ***** *****		

AMST7001C2	TTCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
AMS23001C2	TTCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
8832001C2	TTCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
AUS10001C2	TTCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
HPCAICEU2	TTCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
AMS45001C2	TTCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
AM79001C2	TTCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
AUS5001C2	TTCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
AUS21RCAG2	TTCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
I16001C2	TTCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
AI9001C2	TTCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
I17001C2	TTCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
AM82001C2	TTCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
AUS1001C2	TTCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
HPMAJCEU2	TTCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
AM105001C2	TTCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
J123001C2	TTCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
J39001C2	TTCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
HK7001C2	TTCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	135
HK12001C2	TTCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	150
HK8001C2	TTCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	150
CH2001C2	TTCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	150
CH4001C2	TTCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	150
HK9001C2	TTCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	150
8828001C2	TTCTTAAAGTTGATAACGCTGTGCTTCATACGATCCTGATCAAAAACCA	150

F1 (Tummuru¹)

AMST7001C2	ATCGTTGATAAAGAACGATAGGGATAATAGGCAAGCTTTTGATGGAATCTC	185
AMS23001C2	ATCGTTGATAAAGAACGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGATGGAATCTC	185
8832001C2	ATCGTTGATAAAGAACGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGATGGAATCTC	185
AUS10001C2	ATCGTTGATAAAGAACGATAGGGATAATAGGCAAGCTTTTGATGGAATCTC	185
HPCAICEU2	ATCGTTGATAAAGAACGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGATGGAATCTC	185
AMS45001C2	ATCGTTGATAAAGAACGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGATGGAATCTC	185
AM79001C2	ATCGTTGATAAAGAACGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGATGGAATCTC	185
AUS5001C2	ATTATTGATAAAGAACGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGATGGAATCTC	185
AUS21RCAG2	ATCATTTGATAAAGAACGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGATGGAATCTC	185
I16001C2	ATCGTTGATAAAGAAATGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGATGGAATCTC	185
AI9001C2	ATCGTTGATAAAGAACGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGATGGAATCTC	185
I17001C2	ATCGTTGATAAAGAACGATAGGGATAATAGGCAAGCTTTTGATGGAATCTC	185
AM82001C2	ATCGTTGATAAAGAACGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGATGGAATCTC	185
AUS1001C2	ATCGTTGATAAAGAAATGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGATGGAATCTC	185
HPMAJCEU2	ATCGTTGATAAAGAACGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGAGGGAATCTC	185
AM105001C2	ATCGTTGATAAAGAACGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGATGGAATCTC	185
J123001C2	ATCGTTGATAAAGAAATGATAGGGATAATAGGCAAGCTTTTGAGAAAATCTC	185
J39001C2	ATCGTTGATAAAGAAATGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGAGAAAATCTC	200
HK7001C2	ATCGTTGATAAAGAAATGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGAGAAAATCTC	200
HK12001C2	ATCGTTGATAAAGAAATGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGAGAAAATCTC	200
HK8001C2	ATCGTTGATAAAGAAATGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGAGAAAATCTC	200
CH2001C2	ATCGTTGATAAAGAAATGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGAGAAAATCTC	200
CH4001C2	ATCGTTGATAAAGAAATGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGAGAAAATCTC	200
HK9001C2	ATCGTTGATAAAGAAATGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGAGAAAATCTC	200
8828001C2	ATCGTTGATAAAGAAATGATAGGGATAACAGGCAAGCTTTTGAGAAAATCTC	200

** .***** ***** ***** ***** ***** ***** *****
cagFN1 (seq id no 21)

20/61

cagR (seq id no 13)	cagprobe3 (seq id no 27)	
AMST7001C2	GCAATTAAAGGGAAGAACTACTCCAATAAAGCGATCAAAAAATCCTACCAAAA	235
AMS23001C2	GCAATTAAAGGGAAGAACTACTCCAATAAAGCGATCAAAAAATCCTACCAAAA	235
8832001C2	GCAATTAAAGGGAAGAACTACTCCAATAAAGCGATCAAAAAATCCTACCAAAA	235
AUS10001C2	GCAATTAAAGGGAAGAACTACTCCAATAAAGCGATCAAAAAATCCTACCAAAA	235
HPCAICEU2	GCAATTAAAGGGAAGAACTACTCCAATAAAGCGATCAAAAAATCCTACCAAAA	235
AMS45001C2	GCAATTAAAGGGAAGAACTACTCCAATAAAGCGATCAAAAAATCCTACCAAAA	235
AM79001C2	ACAATTAAAGGGAAGAACTACTCCAATAAAGCGATCAAAAAATCCTACCAAAA	235
AUS5001C2	GCAATTAAAGGGAAGAACTACTCCAATAAAGCGATCAAAAAATCCTACCAAAA	235
AUS21RCAG2	GCAATTAAAGGGAAGAACTACTCCAATAAAGCGATCAAAAAATCCTACCAAAA	235
I16001C2	GCAATTAAAGGGAAGAACTACTCCAATAAAGCGATCAAAAAATCCTACCAAAA	235
AI9001C2	GCAATTAAAGGGAAGAACTACTCCAATAAAGCGATCAAAAAATCCTACCAAAA	235
I17001C2	GCAATTAAAGGGAAGAACTACTCCAATAAAGCGATCAAAAAATCCTACCAAAA	235
AM82001C2	GCAATTAAAGGGAAGAACTACTCCAATAAAGCGATCAAAAAATCCTACCAAAA	235
AUS1001C2	GCAATTAAAGGGAAGAACTACTCCAATAAAGCGATCAAAAAATCCTACCAAAA	235
HPMAJCEU2	GCAATTAAAGGGAAGAACTACTCCAATAAAGCGATCAAAAAATCCTACCAAAA	235
AM105001C2	GCAATTAAAGGGAAGAACTACTCCAATAAAGCGATCAAAAAATCCTACCAAAA	235
J123001C2	GCAGCTAAGGGAGGAATTCGCTAATAAAGCGATCAAAAAATCCTGCCAAA	235
J39001C2	GCAGCTAAGGGAGGAATTCGCTAATAAAGCGATCAAAAAATCCTGCCAAA	250
HK7001C2	GCAACTAAGGGAAGAACTACGCCAATAAAGCGATCAAAAAATCCTGCCAAA	250
HK12001C2	GCAACTAAGGGAAGAACTACGCCAATAAAGCGATCAAAAAATCCTGCCAAA	250
HK8001C2	GCAACTAAGGGAAGAACTACGCCAATAAAGCGATCAAAAAATCCTGCCAAA	250
CH2001C2	GCAACTAAGGGAAGAACTACGCCAATAAAGCGATCAAAAAATCCTGCCAAA	250
CH4001C2	GCAACTAAGGGAAGAACTACGCCAATAAAGCGATCAAAAAATCCTGCCAAA	250
HK9001C2	GCAACTAAGGGAAGAACTACGCCAATAAAGCGATCAAAAAATCCTGCCAAA	250
8828001C2	GCAATTAAAGGGAAGAACTACGCCAATAAAGCGATCAAAAAATCCTGCCAAA	250

.. *****.*****. * *****.*****.*****.*****.

21/61

cagrN1 (seq id no 22)

AMST7001C2	AGAAATCAGTATTTTTCAGACTTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
AMS23001C2	AGAAATCAGTATTTTTCAGACTTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
8832001C2	AGAAATCAGTATTTTTCAGACTTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
AUS10001C2	AGAAATCAGTATTTTTCAGACTTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
HPCAICEU2	AGAAATCAGTATTTTTCAGACTTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
AMS45001C2	AGAAATCAGTATTTTTCAGACTTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
AM79001C2	AGAAATCAGTATTTTTCAGACTTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
AUS5001C2	AGAAATCAGTATTTTTCAGACTTTTATCGATAAGAGCAACGATTTAATCAAC	285
AUS21RCAG2	AGAAATCAGTATTTTTCAGACTTTTATCGATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
I16001C2	AGAAATCAGTATTTTTCAGACTTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
AI9001C2	AGAAATCAGTATTTTTCAGACTTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
I17001C2	AGAAATCAGTATTTTTCAGACTTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
AM82001C2	AGAAATCAGTATTTTTCAGACTTTTATCGATAAGAGCAACGATTTAATCAAC	285
AUS1001C2	AGAAATCAGTATTTTTCAGACTTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
HPMAJCEU2	AGAAATCAGTATTTTTCAGACTTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
AM105001C2	AGAAATCAGTATTTTTCAGACTTTTATCAATAAGAGCAATGATTTAATCAAC	285
J123001C2	AGAAATCAGTATTTTTCAGACTTTTATCAGTAAGAGCAGTGATTTAATCAAC	285
J39001C2	AGAAATCAGTATTTTTCAGACTTTTATCAGTAAGAGCAGTGATTTAGTCAAC	300
HK7001C2	AGAAATCAGTATTTTTCAGACTTTTATCAATAAGAGCAATGATTTGATCAAC	300
HK12001C2	AGAAATCAGTATTTTTCAGACTTTTATCAATAAGAGCAATGATTTGATCAAC	300
HK8001C2	AGAAATCAGTATTTTTCAGACTTTTATCAATAAGAGCAATGATTTGATCAAC	300
CH2001C2	AGAAATCAGTATTTTTCAGACTTTTATCAATAAGAGCAATGATTTGATCAAC	300
CH4001C2	AGAAATCAGTATTTTTCAGACTTTTATCAATAAGAGCAATGATTTGATCAAC	300
HK9001C2	AGAAATCAGTATTTTTCAGACTTTTATCAATAAGAGCAATGATTTGATCAAC	300
8828001C2	AGAAATCAGTATTTTTCAGACTTTTATCAATAAGAGCAATGATTTGATCAAC	300

***** *..*****..***** *..***** *..*****

AMST7001C2	AAAGACGCTCTCATTTGATGTAGAATCTTCCACAAGAGCTTTCAGAAAATT	335
AMS23001C2	AAAGACGCTCTCATTTGATGTAGAATCTTCCACAAGAGCTTTCAGAAAATT	335
8832001C2	AAAGACGCTCTCATTTGATGTAGAATCTTCCACAAGAGCTTTCAGAAAATT	335
AUS10001C2	AAAGACGCTCTCATTTGATGTAGAATCTTCCACAAGAGCTTTCAGAAAATT	335
HPCAICEU2	AAAGACAATCTCATTTGATGTAGAATCTTCCACAAGAGCTTTCAGAAAATT	335
AMS45001C2	AAAGACAATCTCATTTGATGTAGAATCTTCCACAAGAGCTTTCAGAAAATT	335
AM79001C2	AAAGACGCTCTCATTTGATGTAGAATCTTCCAAAAAGAGCTTTCAGAAAATT	335
AUS5001C2	AAAGACAATCTCATTTGATGTAGAATCTTCCACAAGAGCTTTCAGAAAATT	335
AUS21RCAG2	AAAGACAATCTCATTTGATGTAGAATCTTCCACAAGAGCTTTCAGAAAATT	335
I16001C2	AAAGACGCTCTCATTTGATGTAGAATCTTCCACAAGAGCTTTCAGAAAATT	335
A19001C2	AAAGACGCTCTCATTTGATGTAGAATCTTCCACAAGAGCTTTCAGAAAATT	335
I17001C2	AAAGACAATCTCATTTGATGTAGAATCTTCCACAAGAGCTTTCAGAAAATT	335
AM82001C2	AAAGACAATCTCATTTGATGTAGAATCTTCCACAAGAGCTTTCAGAAAATT	335
AUS1001C2	AAAGACAATCTCATTTGATGTAGAATCTTCCATAAAGCTTTCAGAAAATT	335
HPMAJCEU2	AAAGACAATCTCATTTGATGTAGAATCTTCCACAAGAGCTTTCAGAAAATT	335
AM105001C2	AAAGACAATCTCATTTGATGTAGAATCTTCCACAAGAGCTTTCAGAAAATT	335
J123001C2	AAAGACAGTCTCATTTGATGCAGGTTCTTCCATAAAGAGCTTTCAGAAAATT	335
J39001C2	AAAGACAGTCTCATTTGATGCAGGTTCTTCCATAAAGAGCTTTCAGAAAATT	350
HK7001C2	AAAGACAATCTCATTTGCTGTAGATTCTTCCGTAGAGACTTTAAGAAAATT	350
HK12001C2	AAAGACAATCTCATTTGCTGTAGATTCTTCTGTAGAGAGCTTTAAGAAAATT	350
HK8001C2	AAAGACAATCTCATTTGCTGTAGATTCTTCCGTAGATAGCTTTAAGAAAATT	350
CH2001C2	AAAGACAATCTCATTTGCTGTAGATTCTTCCGTAGAGAGCTTTAAGAAAATT	350
CH4001C2	AAAGACAATCTCATTTGCTGTAGATTCTTCCGTAGATAGCTTTAAGAAAATT	350
HK9001C2	AAAGACAATCTCATTTGCTGTAGATTCTTCCGTAGATAGCTTTAAGAAAATT	350
8828001C2	AAAGACAATCTCATTTGCTGTAGATTCTTCCGTAGATAGCTTTAAGAAAATT	350
***** . ***** . * . * . * . * . * . * . *		*****

AMST7001C2 TGGGATCAGCGTTACCGAATTTTACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG 385
 AMS23001C2 TGGGATCAGCGTTACCGAATTTTACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG 385
 8832001C2 TGGGATCAGCGTTACCGAATTTTACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG 385
 AUS10001C2 TGGGATCAGCGTTACCGAATTTTACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG 385
 HPCAICEU2 TGGGATCAGCGTTACCGAATTTTACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG 385
 AMS45001C2 TGGGATCAGCGTTACCGAATTTTACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG 385
 AM79001C2 TGGGATCAGCGTTACCGAATTTTACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG 385
 AUS5001C2 TGGGATCAGCGTTACCGAATTTTACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG 385
 AUS21RCAG2 TGGGATCAGCGTTACCGAATTTTACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAATG 385
 I16001C2 TGGGATCAGCGTTACCGAATTTTACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG 385
 AI9001C2 TGGGATCAGCGTTACCGAATTTTACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG 385
 I17001C2 TGGGATCAGCGTTACCGAATTTTACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG 385
 AM82001C2 TGGGATCAGCGTTACCGAATTTTACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG 385
 AUS1001C2 TGGACTCAGCGTTACCGAATTTTACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG 385
 HPMAJCEU2 TGGGATCAGCGTTACCGAATTTTACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG 385
 AM105001C2 TGGGATCAGCGTTACCGAATTTTACAAAGTTGGGTGTCCCATCAAAACG 385
 J123001C2 TGGACTCAGCGTTACCGAATTTTATGAATTTGGGTGTCCCATCAAAAG 385
 J39001C2 TGGGATCAGCGTTACCGAATTTTATGAATTTGGGTGTCCCATCAAAAG 400
 HK7001C2 TGGGATCAGCGTTACCGAATTTTACGAATTTGGGTGTCCCTTCAAAAG 400
 HK12001C2 TGGGATCAGCGTTACCGAATTTTACGAGTTGGGTGTCCCTTCAAAAG 400
 HK8001C2 TGGGATCAGCGTTACCGAATTTTACGAGTTGGGTGTCCCTTCAAAAG 400
 CH2001C2 TGGGATCAGCGTTACCGAATTTTACGAGTTGGGTGTCCCTTCAAAAG 400
 CH4001C2 TGGGATCAGCGTTACCGAATTTTACGAGTTGGGTGTCCCTTCAAAAG 400
 HK9001C2 TGGGATCAGCGTTACCGAATTTTACGAGTTGGGTGTCCCTTCAAAAG 400
 8828001C2 TGGGATCAGCGTTACCGAATTTTACGAGTTGGGTGTCCCTTCAAAAG 400
 . **. ***** * *. *****. ***** *

AMST7001C2	ATCCGTC TAA AATCAACACCCGATCGATCCGAAAATT TTATGGAAAAATATC	435
AMS23001C2	ATCCGTC TAA AATCAACACCCGATCGATCCGAAAATT TTATGGAAAAATATC	435
8832001C2	ATCCGTC TAA AATCAACACCCGATCGATCCGAAAATT TTATGGAAAAATATC	435
AUS10001C2	ATCCGTC TAA AATCAACACCCGATCGATCCGAAAATT TTATGGAAAAATATC	435
HPCAICEU2	ATCCGTC TAA AATCAACACCCGATCGATCCGAAAATT TTATGGAAAAATATC	435
AMS45001C2	ATCCGTC TAA AATCAACACCCGATCGATCCGAAAATT TTATGGAAAAATATC	435
AM79001C2	ATCCGTC TAA AATCAACACCCGATCGATCCGAAAATT TTATGGAAAAATATC	435
AUS5001C2	ATCCGTC TAA AATCAACACCCGATCGATCCGAAAATT TTATGGAAAAATATC	435
AUS21RCAG2	ATCCGTC TAA AATCAACACCCGATCGATCCGAAAATT TTATGGAAAAATATC	435
I16001C2	ATCCGTC TAA AATCAACACCCGATCGATCCGAAAATT TTATGGAAAAATATC	435
AI9001C2	ATCCGTC TAA AATCAACACCCGATCGATCCGAAAATT TTATGGAAAAATATC	435
I17001C2	ATCCGTC TAA AATCAACACCCGATCGATCCGAAAATT TTATGGAAAAATATC	435
AM82001C2	ATCCGTC TAA AATCAACACCCGATCGATCCGAAAATT TTATGGAAAAATATC	435
AUS1001C2	ATCCGTC TAA AATCAACACCCGATCGATCCGAAAATT TTATGGAAAAATATC	435
HPMAJCEU2	ATCCGTC TAA AATCAACACCCGATCGATCCGAAAATT TTATGGAAAAATATC	435
AM105001C2	ATCCGTC TAA AATCAACACCCGATCGATCCGAAAATT TTATGGAAAAATATC	435
J123001C2	ATCCATCT AAA ATCAACACCCCAAATA CCGAGGTTT TATGGAAAAATATC	435
J39001C2	ATCCATCT AAA ATCAACACCCCAAATA CCGAGGTTT TATGGAAAAATATC	435
HK7001C2	ATCCGTC TAA AATCAACACCCGACAAATCCGAAAATT TTATGGAAAAATATC	450
HK12001C2	ATCCGTC TAA AATCAACACCCGACAAATCCGAAAATT TTATGGAAAAATATC	450
HK8001C2	ATCCGTC TAA AATCAACACCCCAACAAATCCGAAAATT TTATGGAAAAATATC	450
CH2001C2	ATCCGTC TAA AATCAACACCCCAACAAATCCGAAAATT TTATGGAAAAATATC	450
CH4001C2	ATCCGTC TAA AATCAACACCCCAACAAATCCGAAAATT TTATGGAAAAATATC	450
HK9001C2	ATCCGTC TAA AATCAACACCCGACAAATCCGAAAATT TTATGGAAAAATATC	450
8828001C2	ATCCGTC TAA AATCAACACCCCAACAAATCCGAAAATT TTATGGAAAAATATC ***** ***** * **** * . . . *** ***** *	450

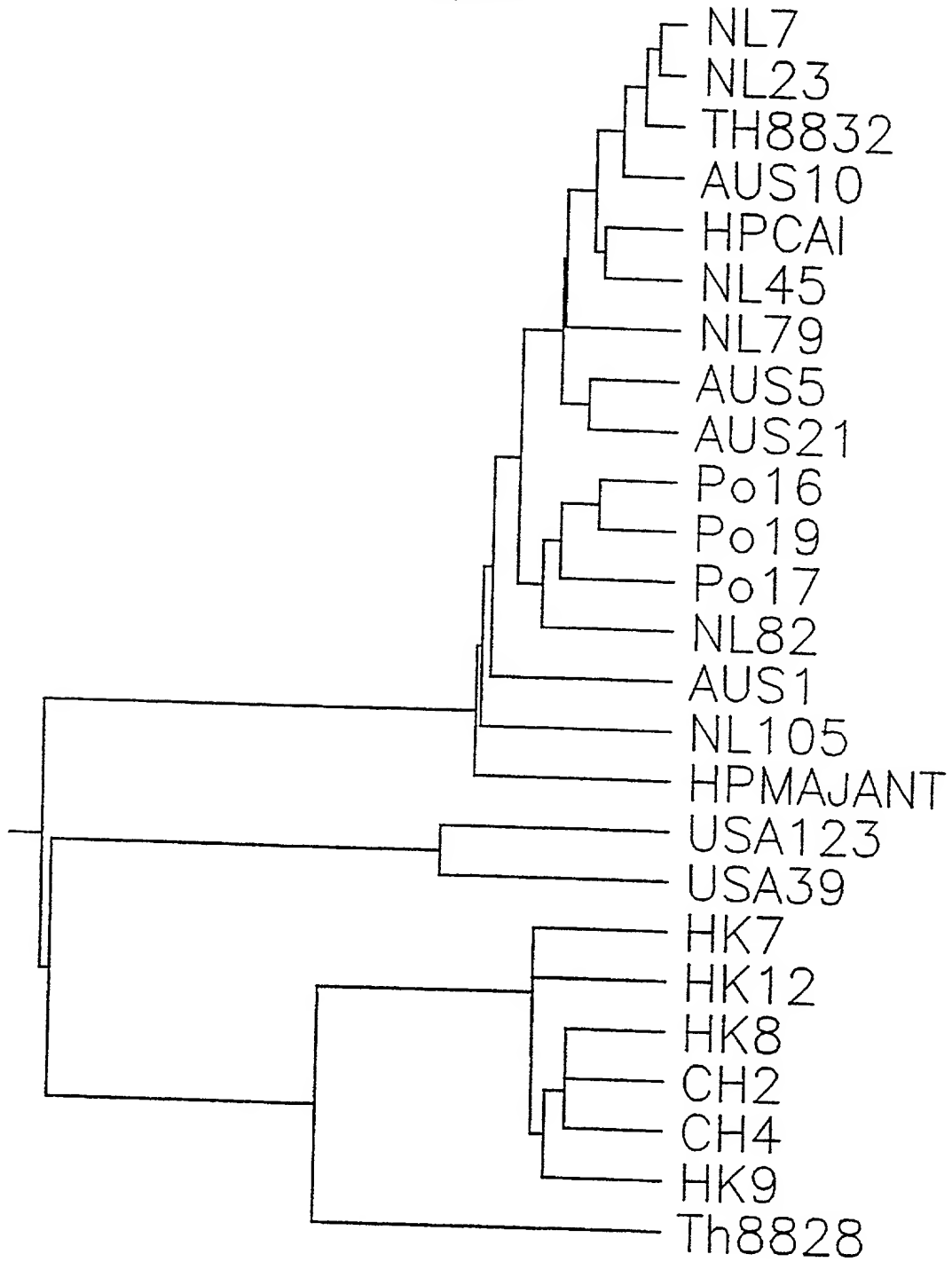
25/61

AMST7001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 92)
AMS23001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 93)
8832001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 94)
AUS10001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 95)
HPCAICEU2	ATACAACCCCTAT	449	(Genbank access. X70039)
AMS45001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 96)
AM79001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 97)
AUS5001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 98)
AUS21RCAG2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 99)
I16001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 100)
AI9001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 101)
I17001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 102)
AM82001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 103)
AUS1001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 104)
HPMAJCEU2	ATACAACCCCTAT	449	(Genbank access. L11714)
AM105001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 105)
J123001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 106)
J39001C2	ATACAACCCCTAT	464	(seq id no 107)
HK7001C2	ATACAACCCCTAT	464	(seq id no 108)
HK12001C2	ATACAACCCCTAT	464	(seq id no 109)
HK8001C2	ATACAACCCCTAT	464	(seq id no 110)
CH2001C2	ATACAACCCCTAT	464	(seq id no 111)
CH4001C2	ATACAACCCCTAT	464	(seq id no 112)
HK9001C2	ATACAACCCCTAT	464	(seq id no 113)
8828001C2	ATACAACCCCTAT	464	(seq id no 114)

¹ Tummuru et al., 1993. Inf. & Immun. 61, 5, 1799-1809.

26/61

Figure 11



27/61

Figure 12 Alignment of vacA s1 and s2 sequences

```

s2
1
29401_SSEQ  CCTATTATTCTCTCGCTTAGTGGGGTGTAAATGGCACCGAACTGG
C3964_SSEQ  -----C-----C-----T-----A-
C4599_SSEQ  -----C-----C-----T-----A-
F24_SSEQ    -----C-----C-----A-----A-
J262001     -----C-----C-----A-----A-
F28_SSEQ    -----C-----C-----T-----A-
AUS24001     -----C-----C-----A-----A-
C4600_SSEQ  -----C-----R-----A-----A-
AUS15001     -----C-----CA-----A-----A-
F90_SSEQ    -----C-----A-----A-----A-
J154001     -----C-----C-----AA-----A-
CR3001      -----C-----C-----AA-----A-

slc
HK43001     ---T-AG-----T-A-GG-CA--T-AC---
N3001       ---T-AG-----T-A-GG-CA--T-AC---
HK51001     ---T-AG-----T-A-GG-CA--T-AC---
HK41001     ---C-AG-----T-A-GG-CA--T-AC---
HK35001     ---C-AG-----T-A-GG-CA--T-AC---
95_24001    ---T-AG-----T-A-GG-CA--T-AC---
TH8835001   ---T-AG-----T-A-GG-CA--T-AC---
TH8828001   ---T-AG-----C-A-GG-CA--T-AC---
95_20001    ---T-AG-----T-A-GG-CA--T-AC---
HK48001     ---T-AG-----C-A-GG-CA--T-AC---
HK46001     ---T-AG-----C-A-GG-CA--T-AC---
TH8832001   ---T-AG-----C-A-GG-CA--T-AC---
HK44002     ---C-GG-A-----C-A-GG-CA--T-AC---
HK42001     ---C-GG-----C-A-GG-CA--T-AC---

```

28/61

1

CH2001 ---C-GG-----C-A-GG-CA--T-AC--
 NIP2001 ---C-GG-----C-A-GG-CA--T-AC--
 CH4001 ---C-GG-----C-A-GG-CA--T-AC--
 N5001 ---C-GG-----C-A-GG-CA--T-AC--
 NIP1001 ---C-GG-----T-A-GG-CA--T-AC--
 TH8839001 ---T-AG-----T-A-GG-TA--T-AC--
 HK67001 ---C-GG-----C-A-GG-CA--T-AC--

slb

F68_SS ---T-AG---CT-T---CA-A-C-G-TA-T-AT--
 AUS5001 ---T-AG---T---CA-A-C-G-TA-TG-AT--
 AUS19001 ---T-AG---T---CA-A-C-G-TA-G-AT--
 C4602_SS ---T-AG---T---CA-A-C-T-TA-G-AT--
 TH8837001 ---T-AG---T---CA-A-C-G-TA-G-AT--
 C4601_SS ---T-AG---T-T---CA-A-C-G-TA-TG-AT--
 C4598_SS ---T---T---CA-A-C-G-TA-T-AT--
 F69_SS ---T-AG---T---CA-NA-C-N-TA-TG-AT--
 9011001 ---T-GG---T---CA-A-C-G-TA-G-AT--
 9022001 ---T-AG---T---CA-A-C-G-TA-G-AT--
 F12_SS ---T-AG---T---CA-A-C-G-TA-G-AT--
 F76_SS ---T-AG---T---CA-A-C-G-TA-T-AT--
 F73_SS ---T-AG---T-T---CA-A-C-G-TA-G-AT--
 F67_SS ---T-AG---T-T---CA-A-C-G-TA-G-AT--
 9016001 ---T-GG---T---CA-A-C-G-TA-G-AT--
 9019001 ---T-AG---T---CA-A-C-G-TA-G-AT--
 F88_SS ---T-AG---T---CA-A-C-G-TA-TG-AT--
 F70_SS ---T-AG---T---CA-A-C-G-TA-TG-AT--
 J133001 ---T-AG---T---CA-A-C-G-TA-TG-AT--
 J174001 ---T-AG---T---CA-A-C-G-TA-TG-AT--
 CR1001 ---T-AG---T-T---CA-A-C-G-TA-G-AT--
 CR18001 ---T-AG---T-T---CA-A-C-G-TA-G-AT--

29/61

1

F25_SS
 9013001
 F46_SS
 F8_SS
 F43_SS
 F63_SS
 F31_SS
 F42_SS
 9012001
 ---T-AG-----T-----CA-A-C--G-TA-G-AT-...
 ---T-GG-----T-----CA-A-C--G-TA-T-AT-...
 ---T-GG-----T-----CA-A-C--G-TA-T-AT-...
 ---T-GG-----T-----CA-A-C--G-TA-T-AT-...
 ---T-GG-----T-----CA-A-C--G-TA-T-AT-...
 ---T-AG-----T-----CA-A-C--G-TA-T-AT-...
 ---T-AG-----T-----CA-A-C--G-TA-T-AT-...
 ---T-AG-----T-----C-ANNA-C--G-TA-R-AT-...
 ---T-AG-----T-----CA-A-C--G-TA-G-AT-...
 ---C-GG-----G-T-----CA-A-C--G-TA-T-AC-...

s1a

HP07145_S1
 J123001
 F30_SS
 C4330_SS
 C4705_SS
 J178001
 43504_SS
 C4819_SS
 C5825_SS
 F32_SS
 HK66001
 CH5001
 CH3001
 CH8001
 CH7001
 F74_SS
 AUS10001
 ---C-GG-----A-A-CA--G-CA--T-AC-...
 ---C-GG-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...
 ---C-GG-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...
 ---C-GG-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...
 ---T-GG-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...
 ---C-GG-----T-----A-A-C--G-CA--T-AC-...
 ---C-AG-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...
 ---T-AG-----T-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...
 ---C-G-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...
 ---C-GG-----A-A-C--GG-CA--T-AC-...
 ---C-GG-----T-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...
 ---C-GG-----T-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...
 ---C-GG-----T-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...
 ---C-GG-----T-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...
 ---Y-GG-----T-----A-A-CA--GR-TA-YRY-AY-...
 ---C-----C-----A-A-CA--GG-CA--T-AC-...

30/61

S2

51

29401_SSEQ
C3964_SSEQ
C4599_SSEQ
F24_SSEQ
J262001
F28_SSEQ
AUS24001
C4600_SSEQ
AUS15001
F90_SSEQ
J154001
CR3001

GGGCTAACGCGCCAAATGATCCCATACACAGCGAGAGTCGCGCTTTTTC
-----C-----C-----T
-----C-----C-----
-----T-----C-----
-----T-----C-----
-----C-----C-----T
-----C-----C-----
-----C-----C-----
-----C-----C-----T
-----T-----C-----T
-----T-----T-----
-----C-----C-----

S1C

HK43001
N3001
HK51001
HK41001
HK35001
95_24001
TH8835001
TH8828001
95_20001
HK48001
HK46001
TH8832001
HK44002
HK42001

-----A-----AA-AGT--G-----T-C-C-T
-----A-----AA-AGT--G-----T-C-C-T
-----AA-AGT--G-----T-C-C-T
-----AA-AGT--G-----C-C-T
-----AA-AGT--G-----C-C-T
-----AA-AGT--G-----C-C-T
-----AA-AGT--G-----C-C-T
-----AA-AGT--G-----C-C-T
-----AA-AGT--G-----C-C-T
-----AA-AGT--G-----C-C-T
-----A-----AA-AGT--G-----C-C-T
-----A-----AA-AGT--G-----C-C-T
-----AA-AGT--G-----C-C-T
-----AA-AGT--G-----C-C-T
-----AA-AGT--G-----C-C-T

31/61

51

CH2001 --AA-AGT--G- --C-C-T
 NIP2001 --AA-AGT--G- --C-C-T
 CH4001 -A- --C-C-T
 N5001 -A- --C-C-T
 NIP1001 --AA-AGT--G- --C-C-T
 TH8839001 --AA-AGT--G- --C-
 HK67001 -A- --C-C-T

slb

F68 SS --CA-AGT--G- --C-
 AUS5001 --GA-AGT--G- --C-
 AUS19001 --GAGAGT--G- --C-
 C4602 SS --GAGAGT--G- --C-
 TH8837001 --GA-AGTT--G- --C-
 C4601 SS --GAGAGT--G- --C-
 C4598 SS --GA-AGT--G- --C-
 F69 SS --NANAGT--G- --C-
 9011001 --CA-AGT--G- --C-
 9022001 --CA-AGT--G- --C-
 F12 SS --CA-AGT--G- --C-
 F76 SS --CA-AGT--G- --C-
 F73 SS --CA-AGT--G- --C-
 F67 SS --CA-AGT--G- --C-
 9016001 --CA-AGT--G- --C-
 9019001 --GAGAGT--G- --C-
 F88 SS --GAGAGT--G- --C-
 F70 SS --GAGAGT--G- --C-
 J133001 --GAGAGT--G- --C-
 J174001 --GAGAGT--G- --C-
 CR1001 --GAGAGT--G- --C-
 CR18001 --GAGAGT--G- --C-

F25_SS
9013001
F46_SS
F8_SS
F43_SS
F63_SS
F31_SS
F42_SS
9012001

51a

15

HP07145_S1-CA-AGT--G--C-
J123001-CA-AGT--G--C-
F30_SS-CA-AGT--G--C-
C4330_SS-CA-AGT--G--C-
C4705_SS-CA-AGT--G--C--T
J178001-CA-AGT--G--C-
43504_SS-CA-AGT--G--C-
C4819_SS-CA-AGT--G--C-
C5825_SS-CA-AGT--G--C-
F32_SS-CA-AGT--G--C-
HK66001-CA-AGT--G--C--A-T
CH5001-CA-AGT--G--C--T
CH3001-CA-AGT--G--C--T
CH8001-CA-AGT--G--C--T
CH7001-CA-AGT--G--C--T
F74_SS-CA-AGT--G--C--Y
AUS10001-CA-AGT--G--C--

33/61

s2

```

101
29401_SSEQ ACAACCGTGATCATCCAGCCATTGTTGGGGG (Genbank access. U29401)
C3964_SSEQ ----- (seq id no 115)
C4599_SSEQ -----A-- (seq id no 116)
F24_SSEQ ----- (seq id no 117)
J262001 ----- (seq id no 118)
F28_SSEQ ----- (seq id no 119)
AUS24001 -----Y-- (seq id no 120)
C4600_SSEQ ----- (seq id no 121)
AUS15001 ----- (seq id no 122)
F90_SSEQ ----- (seq id no 123)
J154001 ----- (seq id no 124)
CR3001 -----G-G- (seq id no 125)

```

slc

```

HK43001 ----- (seq id no 126)
N3001 ----- (seq id no 127)
HK51001 ----- (seq id no 128)
HK41001 ----- (seq id no 129)
HK35001 -----D-- (seq id no 130)
95_24001 -----G-- (seq id no 131)
TH8835001 ----- (seq id no 132)
TH8828001 ----- (seq id no 133)
95_20001 -----G-- (seq id no 134)
HK48001 -----T--C--G-- (seq id no 135)
HK46001 -----A-- (seq id no 136)
TH8832001 -----A-- (seq id no 137)
HK44002 -----AT--M-- (seq id no 138)
HK42001 -----G-- (seq id no 139)

```

34/61

101

CH2001	-----M-----	(seq id no 140)
NIP2001	-----	(seq id no 141)
CH4001	-----H-----	(seq id no 142)
N5001	-----Y-----A--	(seq id no 143)
NIP1001	-----A--	(seq id no 144)
TH8839001	-----T-----G-T----	(seq id no 145)
HK67001	-----C-----CCCC	(seq id no 146)

slb

F68_SS	-----	(seq id no 147)
AUS5001	-----A-----T-----	(seq id no 148)
AUS19001	-----G-----	(seq id no 149)
C4602_SS	-----G-----	(seq id no 150)
TH8837001	-----G-----	(seq id no 151)
C4601_SS	-----	(seq id no 152)
C4598_SS	-----G-----	(seq id no 153)
F69_SS	-----N-----	(seq id no 154)
9011001	-----G-----	(seq id no 155)
9022001	-----	(seq id no 156)
F12_SS	-----	(seq id no 157)
F76_SS	-----	(seq id no 158)
F73_SS	-----G-----	(seq id no 159)
F67_SS	-----G-----	(seq id no 160)
9016001	-----V-----G--A-	(seq id no 161)
9019001	-----G-----	(seq id no 162)
F88_SS	-----G-----	(seq id no 163)
F70_SS	-----G-----	(seq id no 164)
J133001	-----G-----	(seq id no 165)
J174001	-----R-----	(seq id no 166)
CR1001	-----A-----	(seq id no 167)
CR18001	-----G-----A-----	(seq id no 168)

35/61

101

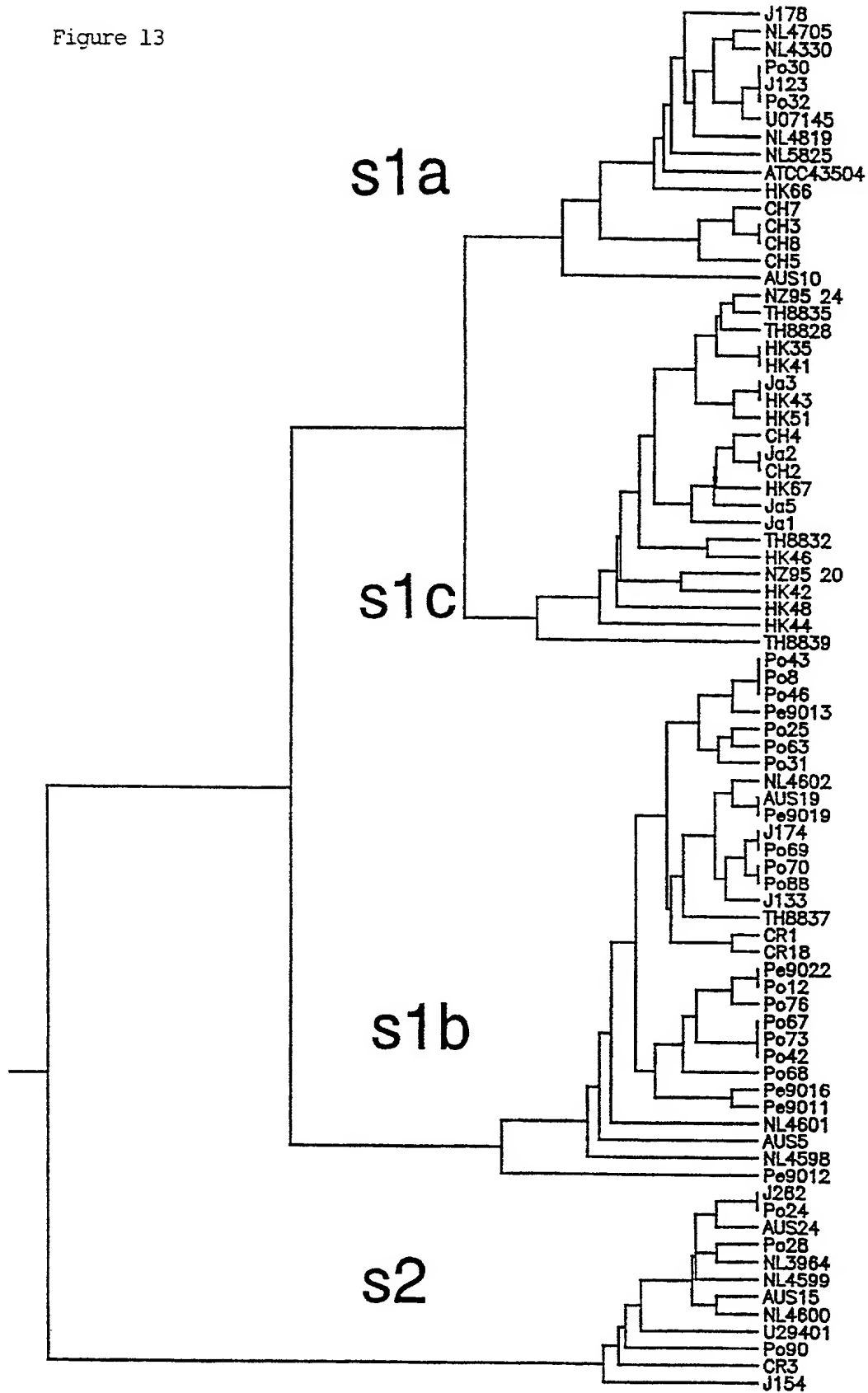
F25_SS	-----N-----	(seq id no 169)
9013001	-----C-----	(seq id no 170)
F46_SS	-----	(seq id no 171)
F8_SS	-----	(seq id no 172)
F43_SS	-----	(seq id no 173)
F63_SS	-----	(seq id no 174)
F31_SS	-----	(seq id no 175)
F42_SS	-----G-----NNNN-	(seq id no 176)
9012001	-----G-----	(seq id no 177)

s1a

HP07145_S1	-----	(Genbank U07145)
J123001	-----	(seq id no 178)
F30_SS	-----	(seq id no 179)
C4330_SS	-----A-----	(seq id no 180)
C4705_SS	-----A-----	(seq id no 181)
J178001	-----G-----	(seq id no 182)
43504_SS	-----	(seq id no 183)
C4819_SS	-----G-----	(seq id no 184)
C5825_SS	-----	(seq id no 185)
F32_SS	-----N-----	(seq id no 186)
HK66001	-----	(seq id no 187)
CH5001	-----T-----G-----	(seq id no 188)
CH3001	-----T-----G-----	(seq id no 189)
CH8001	-----T-----G-----	(seq id no 190)
CH7001	-----T-----G-----	(seq id no 191)
F74_SS	-----R-----R-----	(seq id no 192)
AUS10001	-----T-----	(seq id no 193)

36/61

Figure 13



Alignment of vacA m-region nucleic acid sequences

—

29401_M	GTGGATGCCCATACGGCTAAATTTTAAATGGCAATATTTATCTGGGAAAATC
05677_M	-----T-----A--T-----
HK43001	-----T-----A--T-----
HK66001	-----T-----A--T-----
N1AI001	-----T-----A--T-----
N5AI001	-----T-----A--T-----
C5825_M	-----T-----A--T-----T-----
CE91C001	-----T-----A--T-----
C4598_M	-----T-----A--T-----
F68_M	-----T-----A--T-----
HK42001	-----T-----A--T-----G-----
HK54001	-----T-----A--T-----G-----
HK33001	-----T-----A--T-----G-----
HK52001	-----T-----A--T-----G-----
HK50001	-----T-----A--T-----
HK29001	-----T-----A--T-----
HK47001	-----T-----A--T-----
HK51001	-----T-----A--T-----
CE192C001	-----T-----A--C-----T-----
F76_M	-----T-----A--T-----
HK35001	-----T-----A--C-----
C4084_M	-----T-----A--T-----
N2_2001	-----T-----A--T-----
CR3001	-----T-----A--C-----G-----
AUS5001	-----T-----A--T-----G-----
J154001	-----T-----A--T-----G-----
F31_M	-----C--T-----A--T-----
J123001	-----T-----A--T-----

38/61

1

J133001	-----T-----A-----T-----T-----
F24_M	-----T-----A-----T-----T-----
J174001	-----T-----A-----T-----T-----
AUS15001	-----C-----A-----T-----T-----
TH8835001	-----T-----A-----T-----T-----
TH8828001	-----T-----A-----T-----T-----
J262001	-----T-----A-----T-----G-----T-----
F90_M	-G-----T-----A-----T-----T-----
TH8839001	-----T-----A-----T-----T-----
TH8837001	-----T-----C-----T-----T-----
AUS24001	-----T-----C-----T-----T-----
F28_M	-----T-----A-----T-----T-----
9016_2001	-----T-----A-----T-----T-----
9013_2001	A-----T-----A-----T-----T-----
9012_2001	-----T-----A-----T-----T-----
HK41001	-----ATC-----G-----T-----G-----T-----
HK46002	-----ATC-----G-----T-----G-----T-----
CH4001	-----ATC-----C-----G-----T-----G-----T-----
07145_M	-----T-----A-----A-----T-----T-----
05676_M	-----T-----A-----A-----T-----T-----
CE26C001	-----T-----A-----A-----T-----T-----
F12_M	-----T-----A-----A-----T-----T-----
C4601_M	-----T-----A-----A-----T-----T-----
CE56C001	-----T-----A-----A-----T-----T-----
CE197001	-----T-----A-----A-----T-----T-----
C4602_M	-----T-----A-----A-----T-----T-----
C5654_M	-----T-----A-----A-----T-----T-----
CH3001	-----T-----A-----A-----T-----T-----
CH5001	-----T-----A-----A-----T-----T-----

39/61

CH7001	1	-----A-----A-----
CR2001		-----T-----A-----
FG7_M		-----T-----A-----
9019001		-----T-----A-----
9012_1001		-----T-----A-----
9022001		-----T-----A-----
9011001		-----GT-----A-----
9016_1001		-----T-----A-----
CR1001		-----T-----A-----
CR18001		-----T-----A-----
AUS10001		-----T-----A-----
NIP76001		-----T-----A-----
NIP32001		-----T-----A-----
N3AII001		-----T-----A-----
AUS1001		-----T-----A-----
F30_M		-----T-----A-----
F32_M		-----T-----A-----
J178001		-----GT-----A-----
N1B001		-C-AGC--T-----TC-----A-A-
N5B001		-C-AGC--T-----TC-----A-A-
HK40001		-C-AGACGT-----TC-----A-A-
HK39001		-C-AGACGT-----TC-----A-A-
CH8001		-----TC-----A-----
HK44001		-C-AGC--T-----TC-----A-A-
HK45001		-C-AGC--T-----TC-----A-A-
HK55001		-C-AGC--T-----TC-----A-A-
HK30001		-C-AGC--T-----TC-----A-A-
HK67002		-C-AGC--T-----TC-----A-A-
HK49001		-C-AGC--T-----TC-----A-A-
HK48001		AC-AGC--T-----TC-----A-A-

40/61

51

29401_M	CACGAATTTAAGAGTGAATGGCCATACCGCTCATTTTAAAAACATTGATG	-----G-----T-----
05677_M		-----G-----T-----
HK43001		-----G-----T-----
HK66001		-----G-----T-----
N1AI001		-----G-----T-----
N5AI001		-----G-----T-----
C5825_M		-----G-----T-----
CE91C001		-----G-----T-----
C4598_M		-----G-----T-----
F68_M		-----G-----T-----
HK42001		-----G-----T-----
HK54001		-----G-----T-----
HK33001		-----G-----T-----
HK52001		-----G-----T-----
HK50001		-----G-----T-----
HK29001		-----G-----T-----
HK47001		-----G-----T-----
HK51001		-----G-----T-----
CE192C001		-----G-----T-----
F76_M		-----G-----T-----
HK35001		-----G-----T-----
C4084_M		-----G-----T-----
N2_2001		-----G-----T-----
CR3001		-----G-----T-----
AUS5001		-----G-----T-----
J154001		-----G-----T-----
F31_M		-----G-----T-----
J123001		-----G-----T-----

41/61

51

J133001	-----G-----T-----
F24_M	-----G-----T-----
J174001	-----T-----T-----
AUS15001	-----G-----T-----
TH8835001	-----G-----T-----
TH8828001	-----G-----T-----
J262001	-----G-----T-----
F90_M	-----G-----T-----
TH8839001	-----G-----T-----
TH8837001	-----G-----T-----
AUS24001	-----G-----T-----
F28_M	-----G-----T-----
9016_2001	-----G-----T-----
9013_2001	-----G-----T-----
9012_2001	-----G-----T-----
HK41001	-----T-----G-----
HK46002	-----T-----G-----
CH4001	-----A-----G-----
07145_M	-----T-----A-----
05676_M	-----T-----A-----
CE26C001	-----T-----A-----
F12_M	-----T-----A-----
C4601_M	-----T-----A-----
CE56C001	-----T-----A-----
CE197001	-----T-----A-----
C4602_M	-----T-----A-----
C5654_M	-----T-----A-----
CH3001	-----T-----A-----
CH5001	-----T-----A-----

42/61

CH7001	51.....	T-----A
CR2001	T-----A
F67_M	T-----A
9019001	T-----A
9012_1001	T-----A
9022001	T-----A
9011001	T-----A
9016_1001	T-----A
CR1001	T-----A
CR18001	T-----A
AUS10001	T-----A
NIP76001	T-----A
NIP32001	T-----A
N3AII001	T-----A
AUS1001	T-----A
F30_M	T-----A
F32_M	T-----A
J178001	T-----A
N1B001	T-----A
N5B001	T-----A
HK40001	T-----A
HK39001	T-----A
CH8001	T-----A
HK44001	T-----A
HK45001	T-----A
HK55001	T-----A
HK30001	T-----A
HK67002	T-----A
HK49001	T-----A
HK48001	T-----A

101

29401_M	CTACAAAGAGCGATAACGGGCTAAACACTAGCACCTTGGATTTCAGTGGC
05677_M	-C-----G-T-----T-----
HK43001	-C-----T-----T-C--
HK66001	-C-----TG-T-----G-C--
N1AI001	-C-----G-T-----G-C--
N5AI001	-C-----G-T-----G-C--
C5825_M	-C-----G-T-----C--
CE91C001	-C-GT-----T-----T-C--
C4598_M	--GT-----G-T-----T-C--
F68_M	-C-GT-----G-T-----Y-C--
HK42001	-C-GC-----TG-T-----T-C--
HK54001	-C-GC-----TG-T-----T-C--
HK33001	-C-GC-----TG-T-----T-C--
HK52001	-C-GC-----TG-T-----T-C--
HK50001	-C-----G-T-----T--
HK29001	-C-GT-----TG-T-----T-C--
HK47001	-C-GT-----T-T-----T-C--
HK51001	-C-GT-----G-T-----G-C--
CE192C001	-C-GT-----T-T-----
F76_M	-C-GT-----T-T-----
HK35001	-C-----G-T-----G--
C4084_M	-C-GT-----T-T-----G-C--
N2_2001	-C--T-----T-T-----G-C--
CR3001	-C-GT-----G-T-----T-C--
AUS5001	-C-GC-----G-T-----T-C--
J154001	--GT-----G-T-----T-C--
F31_M	-C-GC-----G-T-----C--
J123001	-C-GC-----T-----T-C--

44/61

101

J133001	-C-GT-----G-T-----T-C--
F24_M	-C-GT-----TG-T-----T-C--
J174001	-C-GT-----G-T-----T-C--
AUS15001	-C-----T-----G-C--
TH8835001	-C-----T-----T-C--
TH8828001	-C-GT-----T-----G-C--
J262001	-C-GTG-----G-T-----T-C--
F90_M	-C-GT-----GYT-----T-C--
TH8839001	-C-----T-TA-----T-G-C--
TH8837001	-C-GC-----C-----T-C--
AUS24001	-C-GT-----G-T-----T-C--
F28_M	-C-GT-----C-T-----C--
9016_2001	--GT-----G-T-----G-C--
9013_2001	-C-T-----T-----G-T-----G-C--
9012_2001	-C-T-----T-T-----G-T-----G-C--
HK41001	-C-GC--G-TAGA-T-TA-CG--C-C-TT-----T-C--
HK46002	-C-GC--G-TAGA-T-TA-CG--C-C-TT-----T-C--
CH4001	-C-GC--G-TAGA-T-TA-CG--C-CT-TT-----T-C--
07145_M	-GGGT--TG-T-G-TT-----A-----T-----
05676_M	-GGGT--TG-T-G-TT-----A-----T-----T
CE26C001	-GGGT--TG-T-G-TT-----A-----T-----T
F12_M	-GGGT--TG-T-G-TT-----A-----T-----T
C4601_M	-GGGT--TG-T-G-TT-----A-----T-----T
CE56C001	-GGGC--TG-T-G-TT-----A-----T-----T
CE197001	-GGGT--TG-T-G-TT-----A-----T-----T
C4602_M	-GGGT--TG-T-G-TT-----A-----T-----T
C5654_M	--GGT--TG-T-G-TT-----A-----T-----T
CH3001	--GGT--TG-T-G-TT-----A-----T-----T
CH5001	--GGT--TG-T-G-TT-----A-----T-----T

CH7001 101--GGT--TG-T-G-TT--A-----A-----
CR2001 -GGGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T
F67_M -GGGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T
9019001 -GGGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T
9012_1001 -GGGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T
9022001 -GGGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T
9011001 -GGGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T
9016_1001 -GGGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T
CR1001 -GGGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T
CR18001 -GGGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T
AUS10001 -GGGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T
NIP76001 -GGGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T
NIP32001 -GGGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T
N3AII001 -GGGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T
AUS1001 -GGGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T
F30_M -GGGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T
F32_M -GGGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T
J178001 -GGGT--TG-T-G-TT--CA-----A-----T-----T
N1B001 -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T
N5B001 -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-----C-----T
HK40001 -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T
HK39001 -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T
CH8001 -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T
HK44001 -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-----C-----T
HK45001 -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-----C-----T
HK55001 -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T
HK30001 -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-----T-----T
HK67002 -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-----C-----T
HK49001 -GGT--TG-T-G-TT--AT-----A-----C-----T
HK48001 -GGT--TG-T-G-TT--A-----A-----C-----T

46/61

151

29401_M	GT	TACAGACAAAGTCAATATCAACAAGCTCACTACGGCTGCCACTAATGT
05677_M		-----T-----AT-----
HK43001		-----AT-----
HK66001		-----AT-----
N1AI001		-----AT-----
N5AI001		-----AT-----
C5825_M		-----AT-----C
CE91C001		-----AT-----
C4598_M		-----AT-----
F68_M		-----Y-----AT-----
HK42001		-----AT-----
HK54001		-----AT-----
HK33001		-----AT-----
HK52001		-----AT-----
HK50001		-----AT-----
HK29001		-----AT-----
HK47001		-----AT-----
HK51001		-----A-----
CE192C001		-----AT-----
F76_M		-----AT-----
HK35001		-----AT-----
C4084_M		-----A-----
N2_2001		-----A-----G-----A-----
CR3001		-----AT-----
AUS5001		-----T-----AT-----
J154001		-----AT-----
F31_M		-----AT-----
J123001		-----T-----A-----

47/61

151

J133001	-----	-----	AT-----
F24_M	-----	T-----	AT-----
J174001	-----	-----	AT-----
AUS15001	-----	-----	AT-----
TH8835001	-----	-----	AT-----
TH8828001	-----	-----	A-----
J262001	-----	-----	AT-----
F90_M	-----	Y-----	AT-----
TH8839001	-----	G-----	T-A-T-----
TH8837001	-----	-----	AT-----
AUS24001	-----	T-----	AT-----
F28_M	-----	T-----	AT-----
9016_2001	-----	A-G-----	A-----
9013_2001	-----	A-G-----	A-----
9012_2001	-----	A-G-----	T-C-A-----
HK41001	-----	A-G-----	C-A-----
HK46002	-----	A-G-----	C-A-----
CH4001	-----	-----	A-----
07145_M	-----	-----	T-----
05676_M	-----	A-G-----	T-----
CE26C001	-----	GT-G-----	T-----
F12_M	-----	GT-G-----	TC-A-T-----
C4601_M	-----	GT-G-----	TC-A-T-----
CE56C001	-----	G-----	T-A-T-----
CF197001	-----	G-----	T-A-T-----
C4602_M	-----	GT-G-----	TC-----
C5654_M	-----	A-----	T-A-T-----
CH3001	-----	G-----	T-A-T-----
CH5001	-----	G-----	T-A-T-----

48/61

```

CH7001 151-----A-----T-----A-----T-----
CR2001  -----GT--G-----TC--A-----T-----
F67_M  -----GT--G-----TC--A-----T-----
9019001 -----GT--G-----TC--A-----T-----
9012_1001 -----GT--G-----T-----T-----T-----
9022001 -G-----GT--T-----TC--A-----T-----
9011001 -----GT--G-----TA-----T-----T-----
9016_1001 -----GT--G-----T-----T-----T-----
CR1001 -----TC-----A-----T-----T-----
CR18001 -----T-----T-----T-----T-----
AUS10001 -----T-----T-----A-----T-----
NIP76001 -----A-----G-----T-----T-----T-----
NIP32001 -----A-----G-----T-----T-----A-----T-----
N3AII001 -----A-----G-----T-----T-----T-----
AUS1001 -----T-----T-----A-----T-----T-----
F30_M  -----GT--G-----T-----T-----T-----T-----
F32_M  -----GT--G-----T-----T-----T-----T-----
J178001 -----GT--G-----C-----T-----T-----T-----
N1B001 -----A-----G-----T-----T-----A-----T-----
N5B001 -----A-----G-----T-----T-----A-----T-----
HK40001 -----A-----G-----T-----T-----A-----T-----
HK39001 -----A-----G-----T-----T-----A-----T-----
CH8001 -----G-----G-----T-----T-----A-----T-----
HK44001 -----A-----G-----A-----T-----T-----T-----
HK45001 -----A-----G-----A-----T-----T-----T-----
HK55001 -----A-----G-----T-----T-----A-----T-----
HK30001 -----A-----G-----T-----T-----A-----T-----
HK67002 -----A-----G-----T-----T-----A-----T-----
HK49001 -----A-----G-----T-----T-----A-----T-----
HK48001 -----A-----G-----C-----T-----T-----A-----T-----

```

49/61

201

29401_M	GAATATTAAAACTTTGACATTAAGGAATTGGTGGTTACAACCCGTGTTTC	
05677_M	---CG-C---	---A---
HK43001	---C---	---A---G---
HK66001	---C---	---A---
N1AI001	---CG---	---A---
N5AI001	---CG---	---A---
C5825_M	---C---	---A---
CE91C001	---CG---	---A---
C4598_M	---C---	---A---
F68_M	---CG---	---A---
HK42001	---C---	---A---
HK54001	---C---	---A---
HK33001	---C---	---A---
HK52001	---C---	---A---
HK50001	---C---	---A---
HK29001	---C---	---A-T---
HK47001	---C---	---A---
HK51001	---C---	---T---G---
CE192C001	---CG---	---A---
F76_M	---CG---	---C---
HK35001	---C---	---A---
C4084_M	---C---	---A---G---
N2_2001	-TCC-	---A---G---
CR3001	---C---	---
AUS5001	---C---	---A---
J154001	---CG---	---A---
F31_M	---CG---	---G---
J123001	---CG---	---A---A---

50/61

201

J133001	---	CG-	-----	A-	-----	-----
F24_M	---	CG-	-----	-----	-----	A----
J174001	---	CG-	-----	-----	-----	A----
AUS15001	---	C-	-----	A-	-----	G-----
TH8835001	---	C-	-----	A-	-----	-----
TH8828001	---	C-	-----	A-	-----	G-----
J262001	---	CG-	-----	-----	G-	-----
F90_M	---	CR-	-----	Y-	-----	A----
TH8839001	---	C-	-----	-----	-----	-----
TH8837001	---	CG-	-----	T-	-----	A----
AUS24001	---	CG-	-----	-----	-----	A----
F28_M	---	C-	-----	A-	-----	A----
9016_2001	---	C-	-----	-----	-----	C----
9013_2001	-TCC-	-----	-----	A-	-----	G-----
9012_2001	-TCC-	-----	-----	A-	-----	G-----
HK41001	-GCC-	-----	T-	-----	-----	AA---T
HK46002	-GCC-	-----	T-	-----	-----	AA---T
CH4001	-TCC-	-----	-----	T-	-----	AA---T
07145_M	-GCCG-	-----	CA-	-----	A-T-	A---GGA
05676_M	-GCCG-	-----	CA-	-----	A-T-	A---GGG
CE26C001	-GCCGC-	-----	CA-	-----	A-T-	A---GGG
F12_M	-GCCG-	-----	CA-	-----	A-T-	A---G-G
C4601_M	-GCCG-	-----	CA-	-----	A-T-	A---GGA
CE56C001	-GCC-	-----	CA-	-----	T-	AG---GGG
CE197001	-GCC-	-----	CA-	-----	T-	AG---GGG
C4602_M	-GCCG-	-----	AACA-	-----	-----	A---GGA
C5654_M	-GCCG-	-----	CA-	-----	T-	AG-TTAA-GGG
CH3001	-GCC-	-----	CA-	-----	T-	A---G-A
CH5001	-GCC-	-----	CA-	-----	T-	A---G-A

51/61

CH7001 201-GCC-----T-----A-----AA--G-A
CR2001 -GCCG-----T-----A-T-----AA--GGG
F67_M -GCCGC-----T-----A-T-----AA--GGG
9019001 -GCCG-----T-----A-T-----AA--G-G
9012_1001 -GCCG-----T-----A-T-----AA--GGG
9022001 -GCCG-----T-----A-T-----AA--GGG
9011001 -GCCG-----T-----A-T-----AA--G-G
9016_1001 -GCCG-----T-----A-T-----AA--G-G
CR1001 -GCCG-----T-----A-T-----AA--G-G
CR18001 -GCCG-----T-----A-T-----AA--GGG
AUS10001 -GCCG-----T-----A-T-----AA--GGG
NIP76001 -GCC-----T-----A-T-----AA--GGA
NIP32001 -GCCG-----T-----A-T-----AA--GGG
N3AII001 -GCCG-----T-----A-T-----AA--GGG
AUS1001 -GCC-----T-----T-----AG--AA--GGG
F30_M -GCCG-----T-----T-----AG--AA--GGG
F32_M AGCCG-----T-----T-----AG--AA--GGG
J178001 -GCCG-----T-----A-T-G-A--AA--GGA
N1B001 -GCC-----T-----T-----A--AA--GGA
N5B001 -GCCG-----T-----T-----A--AA--GGA
HK40001 -GCCG-----GT-----T-----A--AA--GGA
HK39001 -GCCG-----GT-----T-----A--AA--GGA
CH8001 -GCC-----T-----T-----A--AA--G-A
HK44001 -GCCG-----T-----T-----A--AA--GGA
HK45001 -GCCG-----T-----T-----A--AA--GGA
HK55001 -GCC-----T-----T-----A--AA--GGA
HK30001 -GCCG-----T-----T-----A--AA--GGA
HK67002 -GCCG-----T-----T-----A--AA--GGA
HK49001 -GCC-----T-----T-----A--AA--GGA
HK48001 -GCC-----T-G-----T-----A--AA--GGA

52/61

251

29401_M	AGAGTTTGGGCAATACACTATTTTGGCGAAATATAGGCGATAAGTCT	-
05677_M	-A-	-
HK43001	-	-
HK66001	-	-G
N1AI001	-A-	-G
N5AI001	-A-	-G
C5825_M	-A-	-
CE91C001	-A-	-C-
C4598_M	-A-	-
F68_M	-A-	-
HK42001	-A-	-
HK54001	-A-	-
HK33001	-A-	-
HK52001	-A-	-
HK50001	-A-	-
HK29001	-A-	-
HK47001	-	-
HK51001	-A-	-
CE192C001	-	-T-
F76_M	-	-
HK35001	-	-
C4084_M	-	-A--C-A--G
N2_2001	-	-C-A--G
CR3001	-	-
AUS5001	-	-
J154001	-	-
F31_M	-	-
J123001	-A-	-

251

J133001	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
F24_M	-A-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
J174001	-	-	-	-	-	-	T-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	G-
AUS15001	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
TH8835001	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
TH8828001	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T-	-	-	-
J262001	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
F90_M	-A-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	M-	-	-	-
TH8839001	-A-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
TH8837001	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	G-
AUS24001	-A-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
F28_M	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	CTG
9016_2001	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	G-
9013_2001	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	C-A-G
9012_2001	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	C-A-G
HK41001	T-	-	G-G-	-	A-	-	-	GA-	-	-	AC-	-	-	G-	-	-	-	-	C-A-C
HK46002	T-	-	G-G-	-	A-	-	-	GA-	-	-	AC-	-	-	G-	-	-	-	-	C-A-C
CH4001	T-	-	G-G-	-	A-	-	-	GA-	-	-	AC-	-	-	G-	-	-	-	-	C-A-G
07145_M	TA-	-	G-G-	-	G-	-	-	T-	-	CA-	-	-	A-	-	G-	-	-	-	AG-C-A-G
05676_M	T-	-	CG-G-	-	G-	-	-	CA-	-	-	A-	-	-	G-	-	-	-	-	AG-C-A-G
CE26C001	T-	-	G-G-	-	G-	-	-	CA-	-	-	A-	-	-	G-	-	-	-	-	AG-C-A-G
F12_M	T-	-	G-G-	-	G-	-	-	CA-	-	-	A-	-	-	G-	-	-	-	-	AG-C-A-G
C4601_M	TA-	-	G-G-	-	G-	-	-	CA-	-	-	A-	-	-	G-	-	-	-	-	AAG-C-A-G
CE56C001	T-	-	CG-G-	-	G-	-	-	CA-	-	-	A-	-	-	G-	-	-	-	-	AG-C-A-G
CE197001	T-	-	G-G-	-	G-	-	-	CA-	-	-	A-	-	-	G-	-	-	-	-	AG-C-A-G
C4602_M	TA-	-	G-G-	-	G-	-	-	CA-	-	-	A-	-	-	G-	-	-	-	-	AG-C-A-G
C5654_M	T-	-	G-G-	-	G-	-	-	-	-	TA-	-	-	A-	-	G-	-	-	-	AG-C-A-G
CH3001	TA-	-	CG-G-	-	G-	-	-	CA-	-	-	A-	-	-	G-	-	-	-	-	AG-C-A-G
CH5001	TA-	-	CG-G-	-	G-	-	-	CA-	-	-	A-	-	-	G-	-	-	-	-	AG-C-A-G

CH7001	251TA--CG-G--G-----A---A-----G-----AG-C-A--G
CR2001	T-----G-G--G-----CA---A-----G-----AG-C-A--G
F67_M	T----G-G--G-----CA---A-----G-----AG-C-A--G
9019001	T----G-G--G-----CA---A-----G-----AG-C-A--G
9012_1001	T----G-G--G-----CA---A-----G-----AG-C-A--G
9022001	T--CG-G--G-----CA---A-----G-----AG-C-A--G
9011001	T---G-G--G-----TA---A-----G-----AG-C-A--G
9016_1001	T---G-G--G-----TA---A-----G-----AG-C-A--G
CR1001	T---G-G--G-----CA---A-----G-----AG-C-A--G
CR18001	T---G-G--G-----CA---A-----G-----AG-C-A--G
AUS10001	TA---G-G--G-----CA---A-----G-----AG-C-A--G
NIP76001	T--CG-G--G-----CA---A-----G-----AG-C-A--G
NIP32001	T--CG-G--G-----CA---A-----G-----AG-C-A--G
N3AI1001	T--CG-G--G-----CA---A-----G-----AG-C-A--G
AUS1001	T---G-G--G-----CA---A-----G-----AG-C-A--G
F30_M	T---G-G--G-----CA---A-----G-----AG-C-A--G
F32_M	T---G-G--G-----CA---A-----G-----AG-C-A--G
J178001	TA---G-G--G-----CA---A-----G-----AG-C-A--G
N1B001	TA---G-G--G-----A---A-----G-----A--C-A--G
N5B001	TA---G-G--G-----A---A-----G-----A--C-A--G
HK40001	TA---G-G--G-----A---A-----G-----A--C-A--G
HK39001	TA---G-G--G-----A---A-----G-----A--C-A--G
CH8001	TA--CG-G--G-----CA---A-----G-----AG-C-A--G
HK44001	TA---G-G--G-----A---A-----G-----A--C-A--G
HK45001	TA---G-G--G-----A---A-----G-----AG-C-A--G
HK55001	TA---G-G--G-----A---A-----G-----A--C-A--G
HK30001	TA---G-G--G-----A---A-----G-----A--C-A--G
HK67002	TA---G-G--G-----A---A-----G-----A--C-A--G
HK49001	TA---G-G--G-----A---A-----G-----AG-C-A--G
HK48001	TA---G-G--G-----A---A-----G-----A--C-A--G

55.'61

301

29401_M	CGCATTTGGTGTCTGAGTTTGC	AAACGGGATATAGCCCGGCC	TATTC	TGG
05677_M	-----T-----	-----T-----	-----T-----	-----
HK43001	-----T-----	-----T-----	-----T-----	-----
HK66001	-A-----	-----T-----	-----T-----	-----
N1AI001	-----T-----	-----T-----	-----T-----	-----
N5AI001	-----T-----	-----T-----	-----T-----	-----
C5825_M	-----T-----	-----T-----	-----T-----	-----
CE91C001	-----T-----	-----T-----	-----T-----	-----
C4598_M	-----T-----	-----T-----	-----T-----	-----
F68_M	-----T-----	-----T-----	-----T-----	-----
HK42001	-----T-----	-----T-----	-----T-----	-----
HK54001	-----T-----	-----T-----	-----T-----	-----
HK33001	-----T-----	-----T-----	-----T-----	-----
HK52001	-----T-----	-----T-----	-----T-----	-----
HK50001	-----T-----	-----T-----	-----T-----	-----
HK29001	-----T-----	-----T-----	-----T-----	-----
HK47001	-----T-----	-----T-----	-----T-----	-----
HK51001	-----T-----	-----T-----	-----T-----	-----
CE192C001	-----T-----	-----T-----	-----T-----	-----
F76_M	-----T-----	-----T-----	-----T-----	-----
HK35001	-----T-----	-----T-----	-----T-----	-----
C4084_M	-----T-----	-----T-----	-----T-----	-----
N2_2001	-----T-----	-----T-----	-----T-----	-----
CR3001	-----T-----	-----T-----	-----T-----	-----
AUS5001	-----T-----	-----T-----	-----T-----	-----
J154001	-----T-----	-----T-----	-----T-----	-----
F31_M	-----T-----	-----T-----	-----T-----	-----
J123001	-----T-----	-----T-----	-----T-----	-----

56/61

301

J133001	-----T-----
F24_M	-----T-----
J174001	-----T-----
AUS15001	-----
TH8835001	-----T-----
TH8828001	-----T-----
J262001	-----T-----G-C-----G-----
F90_M	-----T-----R-----
TH8839001	-----T-----
TH8837001	-----A-T-----
AUS24001	-----T-T-----
F28_M	-A-----A-----
9016_2001	-----T-----T-C-----
9013_2001	-----T-----T-C-----
9012_2001	-----T-----T-C-----
HK41001	-----A-C-----T-----
HK46002	-----A-----T-----
CH4001	-A-----T-----T-C-----T-----
07145_M	-----CAA-AC-----C-----G-----T-CAC-----GT-ACTT-TC-----
05676_M	-----CAA-AC-----C-----G-----T-CAC-----GT-AAT-T-----
CE26C001	-----CAA-AC-----C-----G-----T-CAC-----GT-AAT-----
F12_M	-----CAA-AC-----C-----G-----T-CAC-----GT-AAT-T-----
C4601_M	-----CAA-AC-----C-----G-----T-CAC-----AT-AAT-T-----
CE56C001	-----CAA-AC-----C-----G-----T-CAC-----GT-AAT-T-----
CE197001	-----CAACAC-----C-----G-----T-CAC-----GT-AAT-----
C4602_M	-----CAA-AC-----C-----G-----A-CAC-----GT-AAT-T-----
C5654_M	-----CAACAC-----C-----G-----T-CAC-----GT-AAT-----
CH3001	-----CAACAC-----C-----G-----T-CAC-----GT-AAT-----
CH5001	-----CAA-AC-----C-----G-----T-CAC-----GT-AAT-----

57/61

CH7001 301-----CAACAC---C-----G-----T---CAC---GT-AAT-----
CR2001 -----CAA-AC-----C-----G-----T---CAC---GT-AAT-----
F67_M -----CAA-AC-----C-----G-----T---CAC---GT-AAT-----
9019001 -----CAACAC---C-----G-----T---CAC---GT-AAT-----
9012_1001 -----CAA-AC---A-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----
9022001 -----CAA-AC-----C-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----
9011001 -A-----CAA-AC-----C-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----
9016_1001 -A-----CAA-AC-----C-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----
CR1001 -----CAA-AC-----C-----G-----T---CACC---GT-AAT---T-----
CR18001 -----CAA-AC-----C-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----
AUS10001 -A-----CAA-AC-----C-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----
N1P'6001 -----CAA-AC-----C-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----
N1P32001 -----CAA-AC-----C-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----
N3AI1001 -----CAA-AC-----C-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----
AUS1001 -----CAACAC---C-----AG-----T---CAC---GT-AAT---T-----
F30_M -----CAA-AC-----C-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----
F32_M -----CAACAC---C-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----
J178001 -----CAA-AC-----C-----G-----T---CAC---GT-AAT---T-----
N1B001 -----CAACAC---C-----G-----T---CACC---GT-AAT---T-----
N5B001 -----CAACAC---C-----G-----T---CAC---GT-AAT-----T-----
HK40001 -----CAACAC---C-----G-----T---CAC---GT-AAT-----
HK39001 -----CAACAC---C-----G-----T---CAC---GT-AAT-----
CH8001 -----CAA-AC-----C-----G-----T---CAC---GT-AAT-----
HK44001 -----CAACAC---C-----AG-----T---CACC---GT-AAT-----
HK45001 -----CAA-AC-----C-----AG-----T---CACC---GT-AAT-----
HK55001 -----CAA-AC-----C-----AG-----T---CAC---GT-AAT-----
HK30001 -----CAACAC---C-----G-----T---CAC---GT-AAT-----
HK67002 -----CAACAC---C-----AG-----T---CAC---GT-AAT-----
HK49001 -----CAACAC---C-----AG-----T---CAC---GT-AAT-----
HK48001 -----CAACAC---C-----AG-----T---CAC---GT-AAT-----

58/61

351
GGCGGTACTTT (Genbank U29401)
----- (Genbank U05677)
----- (seq id no 194)
----- (seq id no 195)
----- (seq id no 196)
----- (seq id no 197)
----- (seq id no 198)
----- (seq id no 199)
----- (seq id no 200)
----- (seq id no 201)
----- (seq id no 202)
----- (seq id no 203)
----- (seq id no 204)
----- (seq id no 205)
----- (seq id no 206)
----- (seq id no 207)
----- (seq id no 208)
----- (seq id no 209)
----- (seq id no 210)
----- (seq id no 211)
----- (seq id no 212)
----- (seq id no 213)
----- (seq id no 214)
----- (seq id no 215)
----- (seq id no 216)
----- (seq id no 217)
----- (seq id no 218)
----- (seq id no 219)

29401_M
05677_M
HK43001
HK66001
N1AI001
N5AI001
C5825_M
CE91C001
C4598_M
F68_M
HK42001
HK54001
HK33001
HK52001
HK50001
HK29001
HK47001
HK51001
CE192C001
F76_M
HK35001
C4084_M
N2_2001
CR3001
AUS5001
J154001
F31_M
J123001

59/61

351

J133001	---	(seq id no 220)
F24_M	---	(seq id no 221)
J174001	---	(seq id no 222)
AUS15001	---	(seq id no 223)
TH8835001	---	(seq id no 224)
TH8828001	---	(seq id no 225)
J262001	---	(seq id no 226)
F90_M	---	(seq id no 227)
TH8839001	---	(seq id no 228)
TH8837001	---	(seq id no 229)
AUS24001	---	(seq id no 230)
F28_M	GC-	(seq id no 231)
9016_2001	---	(seq id no 232)
9013_2001	---	(seq id no 233)
9012_2001	---	(seq id no 234)
HK41001	---	(seq id no 235)
HK46002	---	(seq id no 236)
CH4001	---	(seq id no 237)
07145_M	-T- AA-	(Genbank U07145)
05676_M	-T- C-AA-	(Genbank U05676)
CE26C001	C-T- AA-	(seq id no 238)
F12_M	-T- AA-	(seq id no 239)
C4601_M	-T- AA-	(seq id no 240)
CE56C001	-T- C-AA-	(seq id no 241)
CE197001	-T- AA-	(seq id no 242)
C4602_M	-T- C-AA-	(seq id no 243)
C5654_M	C-T- AA-	(seq id no 244)
CH3001	C-T- AA-	(seq id no 245)
CH5001	C-T- AA-	(seq id no 246)

60/61

CH7001	351C--T----	AA---	(seq id no 247)
CR2001	C--T----	AA---	(seq id no 248)
F67_M	C--T----	AA---	(seq id no 249)
9019001	C--T----	AA---	(seq id no 250)
9012_1001	---T----	AA---	(seq id no 251)
9022001	---T--C-AA---		(seq id no 252)
9011001	---T--C-AA---		(seq id no 253)
9016_1001	---T--C-AA---		(seq id no 254)
CR1001	---T--C-AA---		(seq id no 255)
CR18001	---T--C-AA---		(seq id no 256)
AUS10001	---T--C-AA---		(seq id no 257)
NIP76001	---T--C-AA---		(seq id no 258)
NIP32001	---T--C-AA---		(seq id no 259)
N3AII001	---T--C-AA---		(seq id no 260)
AUS1001	---T--C-AA---		(seq id no 261)
F30_M	---T--C-AA---		(seq id no 262)
F32_M	---T--C-AA---		(seq id no 263)
J178001	---T--C-AA---		(seq id no 264)
N1B001	---T----	AA---	(seq id no 265)
N5B001	---T----	AA---	(seq id no 266)
HK40001	---T----	AG---	(seq id no 267)
HK39001	---T----	AG---	(seq id no 268)
CH8001	C--T----	AA---	(seq id no 269)
HK44001	---T----	AG---	(seq id no 270)
HK45001	---T----	AG---	(seq id no 271)
HK55001	---T----	AG---	(seq id no 272)
HK30001	---T----	AG---	(seq id no 273)
HK67002	---T----	AA---	(seq id no 274)
HK49001	---T----	AG---	(seq id no 275)
HK48001	---T----	AG---	(seq id no 276)

61/61

Figure 15

